

Document made available under the Patent Cooperation Treaty (PCT)

International application number: PCT/JP05/006222

International filing date: 24 March 2005 (24.03.2005)

Document type: Certified copy of priority document

Document details: Country/Office: JP
Number: 2004-095732
Filing date: 29 March 2004 (29.03.2004)

Date of receipt at the International Bureau: 28 April 2005 (28.04.2005)

Remark: Priority document submitted or transmitted to the International Bureau in compliance with Rule 17.1(a) or (b)



World Intellectual Property Organization (WIPO) - Geneva, Switzerland
Organisation Mondiale de la Propriété Intellectuelle (OMPI) - Genève, Suisse

日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日
Date of Application: 2 0 0 4 年 3 月 2 9 日

出 願 番 号
Application Number: 特 願 2 0 0 4 - 0 9 5 7 3 2

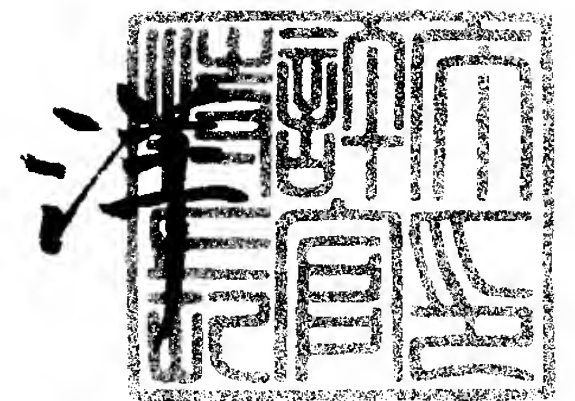
パリ条約による外国への出願
に用いる優先権の主張の基礎
となる出願の国コードと出願
番号
J P 2 0 0 4 - 0 9 5 7 3 2
The country code and number
of your priority application,
to be used for filing abroad
under the Paris Convention, is

出 願 人
Applicant(s): 独立行政法人科学技術振興機構

2 0 0 5 年 4 月 1 3 日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

小 川



【書類名】	特許願
【整理番号】	P04-0027
【提出日】	平成16年 3月29日
【あて先】	特許庁長官 殿
【国際特許分類】	C07K 14/435
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県市川市若宮 1－13－6
【氏名】	島田 英昭
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区春日 2－5－10 西千葉ヒルズ春日 405号
【氏名】	朝長 毅
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区星久喜町 1063－28
【氏名】	日和佐 隆樹
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区矢作町 540－36
【氏名】	松下 一之
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区汐見が丘 7－15
【氏名】	落合 武徳
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市若葉区都賀の台 1－20－11
【氏名】	野村 文夫
【特許出願人】	
【識別番号】	503360115
【氏名又は名称】	独立行政法人科学技術振興機構
【代理人】	
【識別番号】	100091096
【弁理士】	
【氏名又は名称】	平木 祐輔
【選任した代理人】	
【識別番号】	100096183
【弁理士】	
【氏名又は名称】	石井 貞次
【選任した代理人】	
【識別番号】	100118773
【弁理士】	
【氏名又は名称】	藤田 節
【選任した代理人】	
【識別番号】	100120905
【弁理士】	
【氏名又は名称】	深見 伸子
【手数料の表示】	
【予納台帳番号】	015244
【納付金額】	21,000円
【提出物件の目録】	
【物件名】	特許請求の範囲 1
【物件名】	明細書 1
【物件名】	図面 1

【書類名】 特許請求の範囲

【請求項 1】

配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固形癌抗原ポリペプチド。

【請求項 2】

請求項 1 に記載のヒト固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチド。

【請求項 3】

配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72 及び 74 からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチド。

【請求項 4】

被験者に由来するサンプル中の 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固形癌診断キット。

【請求項 5】

被験者に由来するサンプル中の 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72 及び 74 からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌診断キット。

【請求項 6】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が該固形癌抗原ポリペプチド又はその部分ペプチドである、請求項 4 又は 5 記載の固形癌診断キット。

【請求項 7】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項 4 又は 5 記載の固形癌診断キット。

【請求項 8】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が、該固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの全部若しくは一部の配列又はその相補配列からなるポリヌクレオチドを含むプライマー又はプローブである、請求項 4 又は 5 記載の固形癌診断キット。

【請求項 9】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が固相上に固定化されている、請求項 4 ～ 8 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

【請求項 10】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が標識されている、請求項 4 ～ 9 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

【請求項 11】

固形癌が、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌からなる群より選択されるものである、請求項 4 ～ 10 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

【請求項 12】

サンプルが、血清、血液、血液細胞及び組織からなる群より選択されるものである、請

求項 4 ～ 1 1 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

【請求項 1 3】

1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固形癌の予防又は治療用医薬。

【請求項 1 4】

1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72 及び 74 からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌の予防又は治療用医薬。

【請求項 1 5】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項 1 3 又は 1 4 記載の医薬。

【請求項 1 6】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段である、請求項 1 3 又は 1 4 記載の医薬。

【請求項 1 7】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段である、請求項 1 3 又は 1 4 記載の医薬。

【請求項 1 8】

固形癌治療薬又は固形癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固形癌にターゲティングする手段とを含む、固形癌の予防又は治療用医薬。

【請求項 1 9】

ヒト固形癌にターゲティングする手段が固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項 1 8 記載の医薬。

【請求項 2 0】

ヒト固形癌にターゲティングする手段が固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列である、請求項 1 8 記載の医薬。

【書類名】 明細書

【発明の名称】 固形癌診断キット及び固形癌治療用医薬

【技術分野】

【0001】

本発明は、固形癌診断キット及び固形癌の予防又は治療用医薬に関する。

【背景技術】

【0002】

食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等の固形癌はいずれも悪性の腫瘍であり、特に進行性の固形癌は治療が困難で多くの場合に致命的となる。従って、固形癌に対する対策としては癌腫の早期発見が最も重要な課題である。

【0003】

上記の固形癌の診断及び予後の観察には、従来から腫瘍マーカーとしてC E A、C A 1 9－9等が報告され、用いられている。しかしながら、いずれも陽性率は20～30%程度にすぎず、特に早期癌においてはほとんどのマーカーが陰性を示す。また、上述のように進行した固形癌は治療成績が不良であり、早期発見が最も大きな効果をもたらすことから、新規かつ有用な腫瘍マーカーを発見することが期待されている。

【0004】

なお、抗原タンパク質マーカーを用いた分子生物学的診断方法としては、例えば特許公報1～3が知られている。また、担癌患者の腫瘍細胞のm R N Aから作製したタンパク質を患者の自己血清でスクリーニングするS E R E X法（serological identification of antigens by recombinant expression cloning）が報告され（非特許文献1及び特許文献4）、悪性黒色腫、腎癌、食道癌、大腸癌、肺癌等においてI g G抗体が認識する癌抗原を、上記S E R E X法により単離した報告もなされている（非特許文献2～7）。さらに、特許文献5には、S E R E X法によって特定した悪性黒色腫抗原タンパク質とそれをコードするD N A配列、並びにこれらを使用した悪性黒色腫の診断方法が開示されている。しかしながら、固形癌の診断精度をさらに向上させるためには、抗原性の高いタンパク質マーカーをより多く準備し、それらを組み合わせて使用することが不可欠である。

【0005】

一方、固形癌の治療方法としては、癌組織の外科的な切除や全身性の抗癌剤投与等が行われている。しかしながら、前記のとおり、進行性に移行した固形癌の場合にはこれらの治療法も効果は少なく、また早期に発見した場合であっても、これらの治療法は患者に大きな身体的負担を負わせるという問題を有している。

【0006】

【特許文献1】 特開平7－51065号公報

【特許文献2】 再表00／060073号公報

【特許文献3】 特表2000－511536号公報

【特許文献4】 米国特許第5,698,396号

【特許文献5】 特開2001－333782号公報

【非特許文献1】 Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92:11810-11813, 1995

【非特許文献2】 Int. J. Cancer 72: 965-971, 1997

【非特許文献3】 Cancer Res. 58:1034-1041, 1998

【非特許文献4】 Int. J. Cancer 29:652-658, 1998

【非特許文献5】 Int. J. Oncol. 14:703-708, 1999

【非特許文献6】 Cancer Res. 56:4766-4772, 1996

【非特許文献7】 Hum. Mol. Genet 6:33-39, 1997

【発明の開示】

【発明が解決しようとする課題】

【0007】

上述したように、固形癌の早期診断のための方法として、癌組織特異的な抗原タンパク

質マーカーを用いた分子生物学的診断方法の有効性が指摘されており、そのための新しい抗原タンパク質マーカーも幾つか提案されている。しかしながら、その診断精度をさらに向上させるためには、抗原性の高いタンパク質マーカーをより多く準備し、それらを組み合わせる使用することが不可欠である。

【０００８】

また、それらの抗原タンパク質マーカーは固形癌組織で優性に発現するため、癌組織のみを標的とする治療法への応用も期待される。

【０００９】

従って、本発明は、新規な固形癌抗原タンパク質、並びに該抗原タンパク質に基づく固形癌診断キット及び固形癌治療剤を提供することを目的とする。

【課題を解決するための手段】

【００１０】

本発明者は、上記課題を解決するため鋭意検討を行った結果、ヒト固形癌に特異的な新規な抗原ポリペプチドを見出し、この抗原ポリペプチドの発現を利用することによって、固形癌を診断し、また固形癌の予防及び治療を行うことができるという知見を得、本発明を完成するに至った。

【００１１】

すなわち、本発明は、配列番号２、４、６、８、１０、１２、１４、１６、１８、２０、２２、２４、２６、２８、３０、３２、３４、３６、３８、４０、４２、４４、４８、５０、５２、５４、５６、５９、６１、６３、６５、６７、６９、７１、７３及び７５からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固形癌抗原ポリペプチドである。

また本発明は、上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドである。

【００１２】

本発明はまた、配列番号１、３、５、７、９、１１、１３、１５、１７、１９、２１、２３、２５、２７、２９、３１、３３、３５、３７、３９、４１、４３、４５、４６、４７、４９、５１、５３、５５、５７、５８、６０、６２、６４、６６、６８、７０、７２及び７４からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドである。

【００１３】

さらに本発明は、被験者に由来するサンプル中の１種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号２、４、６、８、１０、１２、１４、１６、１８、２０、２２、２４、２６、２８、３０、３２、３４、３６、３８、４０、４２、４４、４８、５０、５２、５４、５６、５９、６１、６３、６５、６７、６９、７１、７３及び７５からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固形癌診断キットである。

【００１４】

また本発明は、被験者に由来するサンプル中の１種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号１、３、５、７、９、１１、１３、１５、１７、１９、２１、２３、２５、２７、２９、３１、３３、３５、３７、３９、４１、４３、４５、４６、４７、４９、５１、５３、５５、５７、５８、６０、６２、６４、６６、６８、７０、７２及び７４からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌診断キットである。

【００１５】

上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段としては、該固形癌抗原ポリペプチド又はその部分ペプチド、該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体、及び該固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの全部若しくは一部の配列又はその相補配列からなるポリヌクレオチドを含むプライマー又はプローブが挙げられる。

【００１６】

また、上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段は、固相上に固定

化されていてもよいし、及び／又は標識されていてもよい。

上記固形癌としては、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌が含まれる。

また上記サンプルは、例えば血清、血液、血液細胞及び組織が含まれる。

【0017】

本発明はまた、1種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73及び75からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固形癌の予防又は治療用医薬である。

【0018】

また本発明は、1種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌の予防又は治療用医薬である。

【0019】

上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段としては、該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体、該固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段、及び該固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段が挙げられる。

【0020】

さらに本発明は、固形癌治療薬又は固形癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固形癌にターゲティングする手段とを含む、固形癌の予防又は治療用医薬である。

【0021】

上記ヒト固形癌にターゲティングする手段としては、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体、及び固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列が挙げられる。

【発明の効果】

【0022】

本発明に係る固形癌診断キットにより、固形癌を高精度で診断することができ、固形癌の早期診断に有用である。また、本発明に係る固形癌の予防用医薬又は治療用医薬により、固形癌のみを標的とする治療を行うことが可能となる。

【発明を実施するための最良の形態】

【0023】

以下、本発明を詳細に説明する。

1. 新規なヒト固形癌抗原ポリペプチド

本発明は、ヒト固形癌に特異的な新規抗原ポリペプチドに基づくものである。本発明者らは、大腸癌患者の手術標本の正常部と癌部から患者本人の了解を得てタンパク質を抽出し、二次元電気泳動法（例えば、Electrophoresis 22:3019-3025, 2001）により解析することによって、固形癌細胞において特異的に発現し、従来は腫瘍マーカーとしての機能が知られていなかった20種の抗原ポリペプチド（表1の1～20番に示す）を見出した（実施例1参照）。また食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者の了解を得て採取した血清をSEREX法（非特許文献1、特許文献4）によって解析し、食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者の血清中にのみ存在する19種の特異的抗体に対する抗原ポリペプチド（表1の21～39番に示す）を見出した（実施例2参照）。これらの固形癌抗原ポリペプチドを表1に示す。

【0024】

【表 1】

No.	名称	登録番号	塩基配列	アミノ酸配列	クローン名
1	リンゴ酸デヒドロゲナーゼ 2	NP_005909, NM_005918	1	2	
2	トロポミオシン 4	NP_003281, NM_003290	3	4	
3	FK506 結合タンパク質 4	NP_002005, NM_002014	5	6	
4	シャペロニン含有 TCP1, サブユニット 6A	NP_001753, NM_001762	7	8	
5	セリンプロテアーゼインヒビター, クレード H, コラーゲン結合タンパク質 1	NP_001226, NM_001235	9	10	
6	硫化物デヒドロゲナーゼ様	NP_067022, NM_021199	11	12	
7	ヒドロキシステロイド(17-β)デヒドロゲナーゼ 4	NP_000405, NM_000414	13	14	
8	ストレス誘導性リンタンパク質 1	NP_006810, NM_006819	15	16	
9	異種核リボ核タンパク質 L	NP_001524, NM_001533	17	18	
10	異種核リボ核タンパク質 U	NP_004492, NM_004501	19	20	
11	マトリン 3	NP_061322, NM_018834	21	22	
12	アネキシン A3	NP_005130, NM_005139	23	24	
13	PTK9L タンパク質チロシンキナーゼ 9 様	NP_009215, NM_007284	25	26	
14	スプライシング因子, アルギニン/セリンリッチ 1	NP_008855, NM_006924	27	28	
15	チオ硫酸スルフトランスフェラーゼ	NP_003303, NM_003312	29	30	
16	S-アデノシルホモシステインヒドロラーゼ	NP_000678, NM_000687	31	32	
17	GDP-マンノース 4,6-デヒドラターゼ	NP_001491, NM_001500	33	34	
18	ヒドロキシアシルデヒドロゲナーゼ, サブユニット A	NP_000173, NM_000182	35	36	
19	プロリル-4-ヒドロキシラーゼ β サブユニット	NP_000909, NM_000918	37	38	
20	ペルオキシレドキシン 5	NP_036226, NM_012094	39	40	
21	プロゲステロン受容体膜コンポーネント2	NM_006320	41	42	K35-1-1
22	MAP キナーゼ結合セリン/トレオニン キナーゼ2	NM_199054	43	44	K30-1-1
23	EST: 601191782F1	BE264462	45		12N3-1
24	EST: 602301679F1	BG032310	46		12O1-1

25	付加的性櫛類似1	NM_015338	47	48	14A1-1-1
26	フォークヘッドボックス A1	NM_004496	49	50	18G3-1
27	レチノイン酸誘導 16	NM_022749	51	52	19C1-1
28	リケン cDNA 5730528L13 類似遺伝子	NM_080655	53	54	19F1-1
29	リシン tRNA 合成酵素	BC004132	55	56	19F1-2
30	EST: AGENCOURT_15657942	CF597227	57		6BD3-1
31	KDEL 小胞体タンパク質保持受容体1	NM_006801	58	59	14H1-2-1
32	リソソーム結合タンパク質膜貫通4ベータ	NM_018407	60	61	18B2-1
33	タンパク質ホスファターゼ1, 触媒サブユニット、 α アイソフォーム	NM_002708	62	63	18G1-1
34	ペルオキシレドキシン3	NM_006793	64	65	20J4-1
35	アルドケトレダクターゼファミリー1, メンバーC3	NM_003739	66	67	19M2
36	ユビキチン結合酵素 E2I	BC000744	68	69	10Q3-1
37	ホスファチジン酸ホスファターゼ、タイプ 2C	NM_003712	70	71	14A1-1-2
38	ベータカテニン相互作用タンパク質1	NM_020248	72	73	14B1-2-1
39	ソーティングネキシン15	NM_147777	74	75	14H2-1-1

【0025】

なお、本発明において、「ポリペプチド」とは、アミド結合（ペプチド結合）によって互いに結合した複数個のアミノ酸残基から構成された分子を意味し、タンパク質及びペプチドを含む。「ポリヌクレオチド」とは、プリン又はピリミジンが糖に β -N-グリコシド結合したヌクレオシドのリン酸エステル（ATP、GTP、CTP、UTP；又はdATP、dGTP、dCTP、dTTP）が結合した分子をいう。

【0026】

また、表1にそれぞれ示した塩基配列及びアミノ酸配列については、1若しくは数個の塩基の付加、欠失、他の塩基への置換、あるいはこれらの塩基変異に基づく1若しくは数個のアミノ酸残基の付加、欠失及び他のアミノ酸への置換をも包含する。

【0027】

さらに、「血清中抗体」とは、固形癌患者の血清中に存在し、固形癌抗原ポリペプチドと結合する抗体IgGを意味する。また、「抗体」は、固形癌抗原ポリペプチド又はその部分断片を免疫原として作製されたポリクローナル抗体又はモノクローナル抗体を意味する。

【0028】

本発明におけるその他の用語や概念は、発明の実施形態の説明や実施例において詳しく規定する。また本発明を実施するために使用する様々な技術は、特にその出典を明示した技術を除いては、公知の文献等に基づいて当業者であれば容易かつ確実に実施可能である。例えば、本発明に係る医薬を調製するための薬剤の調製はRemington's Pharmaceutical Sciences, 18th Edition, ed. A. Gennaro, Mack Publishing Co., Easton, PA, 1990に、遺伝子工学及び分子生物学的技術はSambrook and Maniatis, Molecular Cloning-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 1989; Ausubel, F. M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York, N.Y. 1995等に記載されている。

【0029】

固形癌抗原ポリペプチドとは、表1に示した39種の遺伝子又はEST（Expressed Sequence Tag）が発現するポリペプチドである。これらの遺伝子産物については様々な機能が知られているが、固形癌における特異的発現は知られていない。なお、本発明においては、ESTの発現産物は「配列番号45、46又は57に示した塩基配列からなるポリヌ

クレオチドがコードするポリペプチド」と定義する。

【 0 0 3 0 】

なお、実施例に示したように、配列番号 1 ～ 4 0 に示した遺伝子及びペプチドは二次元電気泳動法によって、配列番号 4 1 ～ 7 5 の遺伝子、E S T 及びペプチドは S E R E X 法によって特定されたものである。

【 0 0 3 1 】

2. 固形癌診断キット

上述の通り、表 1 に示す固形癌抗原ポリペプチドは、ヒト固形癌において特異的に発現する。従って、被験者由来のサンプルにおいてこの固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することによって、被験者をヒト固形癌について診断することが可能となる。

【 0 0 3 2 】

本発明に係る固形癌診断キット（以下、「本固形癌診断キット」ともいう）は、被験者に由来するサンプル中の 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含むものである。

【 0 0 3 3 】

本固形癌診断キットは、固形癌の診断を行うための試薬キットである。このようなキットは、被検成分の種類に応じて各種のものが市販されており、本固形癌診断キットも、ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段（固形癌抗原ポリペプチド、抗体、プライマー、プローブなど）を用いることを除き、公知公用のキットに用いられている各要素によって構成することができる。

【 0 0 3 4 】

また、本固形癌診断キットにより、固形癌、例えば限定するものではないが、大腸癌、食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等について被験者を診断することが可能である。好ましくは、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌の診断のために用いることができる。

【 0 0 3 5 】

ここで固形癌抗原ポリペプチドの発現、タンパク質発現、及びその抗体発現、並びにその遺伝子の発現を検出する手段としては、

（１）固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体
（２）固形癌抗原ポリペプチド
（３）固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドに基づいて設計されたプローブ又はプライマー
が挙げられる。以下、これらの手段について詳述する。

【 0 0 3 6 】

（１）固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、癌において発現された固形癌抗原ポリペプチドと結合することができるため、該抗体を用いてサンプル中の固形癌抗原ポリペプチドとの反応を検出することによって、該サンプルが癌患者又はハイリスク者に由来するか否かを診断することができる。

【 0 0 3 7 】

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、ポリクローナル抗体又はモノクローナル抗体であり、それぞれ固形癌抗原ポリペプチドのエピトープに結合することができる全体分子、及び F a b、F（a b'）₂、F v 断片等が全て含まれる。このような抗体は、例えばポリクローナル抗体の場合には、抗原ポリペプチドやその一部断片を免疫原として動物を免疫した後、血清から得ることができる。あるいは、上記の真核細胞用発現ベクターを注射や遺伝子銃によって、動物の筋肉や皮膚に導入した後、血清を採取することによって作製することができる。動物としては、マウス、ラット、ウサギ、ヤギ、ニワトリなどが用いられる。

【 0 0 3 8 】

また、モノクローナル抗体は、公知のモノクローナル抗体作製法（「単クローン抗体」

、長宗香明、寺田弘共著、廣川書店、1990年；"Monoclonal Antibody" James W. Go ding, third edition, Academic Press, 1996) に従い作製することができる。

【0039】

また固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体には、標識物質によって標識化された抗体も含まれる。そのような標識化抗体の詳細については、上記を参照されたい。

【0040】

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体を用いて被験者由来のサンプル中の固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出し、ヒト固形癌を診断する場合には、被験者のサンプル中に、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体又はその標識化抗体と結合する抗原ポリペプチドが存在するか否かを試験し、サンプル中にその抗原ポリペプチドが存在する被験者を固形癌患者又はそのハイリスク者と判定する。すなわち、ここで使用する抗体又は標識化抗体は、固形癌細胞で発現している抗原ポリペプチドと特異的に結合する抗体であるから、この抗体と結合する抗原ポリペプチドを含むサンプルを、固形癌患者又はそのハイリスク患者の試料として判定することができる。なおその際に、好ましくは2種類以上、好ましくは5種類以上、さらに好ましくは10種類以上、最も好ましくは15－39種類の抗体についてサンプル中の抗原ポリペプチドとの結合を判定する。また、サンプルとしては、固形癌抗原ポリペプチドが発現されるサンプルであれば特に限定されるものではなく、血液や血液細胞（単核球等）、組織を対象とすることができる。

【0041】

また別の態様は、抗体と抗原ポリペプチドとの結合を液相系において行う方法である。例えば、標識化抗体とサンプルとを接触させて標識化抗体と抗原ポリペプチドを結合させ、この結合体を上記と同様の方法で分離し、標識シグナルを同様の方法で検出する。

【0042】

液相系での診断の別の方法は、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体（一次抗体）とサンプルとを接触させて一次抗体と抗原ポリペプチドを結合させ、この結合体に標識化抗体（二次抗体）を結合させ、この三者の結合体における標識シグナルを検出する。あるいは、さらにシグナルを増強させるためには、非標識の二次抗体を先ず抗体＋抗原ポリペプチド結合体に結合させ、この二次抗体に標識物質を結合させるようにしてもよい。このような二次抗体への標識物質の結合は、例えば二次抗体をビオチン化し、標識物質をアビジン化しておくことによって行うことができる。あるいは、二次抗体の一部領域（例えば、Fc領域）を認識する抗体（三次抗体）を標識し、この三次抗体を二次抗体に結合させるようにしてもよい。なお、一次抗体と二次抗体は、両方ともモノクローナル抗体を用いることもでき、あるいは、一次抗体と二次抗体のいずれか一方をポリクローナル抗体とすることもできる。液相からの結合体の分離やシグナルの検出は上記と同様とすることができる。

【0043】

また別の態様は、抗体と抗原ポリペプチドとの結合を固相系において試験する方法である。この固相系における方法は、極微量の抗原ポリペプチド検出と操作の簡便化のため好ましい方法である。すなわちこの固相系の方法は、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体（一次抗体）を固相（樹脂プレート、メンブレン、ビーズ等）に固定化し、この固定化抗体に抗原ポリペプチドを結合させ、非結合ペプチドを洗浄除去した後、プレート上に残った抗体＋抗原ポリペプチド結合体に標識化抗体（二次抗体）を結合させ、この二次抗体のシグナルを検出する方法である。この方法は、いわゆる「サンドイッチ法」と呼ばれる方法であり、マーカーとして酵素を用いる場合には、「ELISA（enzyme linked immunosorbent assay）」として広く用いられている方法である。一次抗体と二次抗体は、両方ともモノクローナル抗体を用いることもでき、あるいは、一次抗体と二次抗体のいずれか一方をポリクローナル抗体とすることもできる。シグナルの検出は上記と同様とすることができる。

【0044】

（2）固形癌抗原ポリペプチド

固形癌抗原ポリペプチドは、癌細胞が発現するポリペプチドであるため、癌を有する患者の血清中には、発現された固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体（血清中抗体）が存在する。従って、固形癌抗原ポリペプチドを使用して血清中抗体との反応を調べることによって、被験者における固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することができる。この固形癌抗原ポリペプチドとしては、表1に示す抗原ポリペプチド又はその部分ペプチドを用いることができる。本明細書中、「抗原ポリペプチド」には、表1に示す抗原ポリペプチドのほか、表1に示す抗原ポリペプチドのうち少なくとも6個以上のアミノ酸、好ましくは6～500、より好ましくは8～50アミノ酸からなる部分ペプチドも含まれる。

【0045】

これらの抗原ポリペプチドは、例えば、表1に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドを含む組換え発現ベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行うことによりインビトロでペプチドを発現させることにより調製することができる。また組換え発現ベクターを大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞に導入して形質転換細胞を作製すれば、この形質転換細胞からポリペプチドを発現させることができる。

【0046】

抗原ポリペプチドをインビトロ翻訳で発現させる場合には、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに挿入して組換え発現ベクターを作製し、このベクターを、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含むウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加すれば、抗原ポリペプチドをインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。

【0047】

抗原ポリペプチドを、大腸菌などの微生物で発現させる場合には、微生物中で複製可能な複製起点、プロモーター、リボソーム結合部位、DNAクロニング部位、ターミネーター等を有するベクターにポリヌクレオチドを連結した発現ベクターを作製し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養すれば、そのポリヌクレオチドがコードしている抗原ポリペプチドを微生物から発現させることができる。この際、他のタンパク質との融合タンパク質として発現させることもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript II、pET発現系、pGEX発現系などが例示できる。

【0048】

抗原ポリペプチドを、真核細胞で発現させる場合には、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに挿入して組換えベクターを作製し、真核細胞内に導入すれば、抗原ポリペプチドを形質転換真核細胞で発現させることができる。発現ベクターとしては、pKA1、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pcDNA3、pMSG、pYES2などが例示できる。また、pIND/V5-His、pFLAG-CMV-2、pEGFP-N1、pEGFP-C1などを発現ベクターとして用いれば、Hisタグ、FLAGタグ、mycタグ、HAタグ、GFPなど各種タグを付加した融合タンパク質として抗原ポリペプチドを発現させることもできる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、抗原ポリペプチドを発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リボソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0049】

抗原ポリペプチドを原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的の抗原ポリペプチドを単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせることができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどが挙げられる。

【0050】

なお、以上の方法によって得られる組換え抗原ポリペプチドには、他の任意のタンパク質との融合タンパク質も含まれる。例えば、グルタチオン-S-トランスフェラーゼ（GST）や緑色蛍光蛋白質（GFP）との融合蛋白質などが例示できる。さらに、形質転換細胞で発現されたペプチドは、翻訳された後、細胞内で各種修飾を受ける場合がある。したがって、修飾されたペプチドも抗原ポリペプチドとして用いることができる。このような翻訳後修飾としては、N末端メチオニンの脱離、N末端アセチル化、糖鎖付加、細胞内プロテアーゼによる限定分解、ミリストイル化、イソプレニル化、リン酸化などが例示できる。

【0051】

固形癌抗原ポリペプチドを用いて、被験者由来のサンプルにおける固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するためには、被験者のサンプル（血清）中に、固形癌抗原ポリペプチドと結合する血清中抗体が1種類以上存在するか否かを試験する。そして血清中にその抗体が存在する被験者を固形癌患者又は固形癌ハイリスク者と判定する。すなわち、固形癌抗原ポリペプチドは、固形癌患者に由来する血清中抗体（IgG）と結合するポリペプチドであるから、被験者の血清と反応させた結果、サンプルがこれらの抗原ポリペプチドと結合する血清中抗体を含む場合には、固形癌患者又はそのハイリスク患者のサンプルとして判定することができる。なおその際に、2種類以上、好ましくは5種類以上、さらに好ましくは10種類以上、最も好ましくは15～39種類の抗原ポリペプチドについて抗体との結合を判定する。またさらに、すでに知られている他の固形癌マーカー（例えば、CEA、Cyfra、SCC-Agなど）を併用することもできる。また、サンプルとしては、血清中抗体が含まれるサンプル、すなわち血清を対象とすることができる。

【0052】

本固形癌診断キットを用いた具体的な診断は、例えば固形癌診断キットに含まれる固形癌抗原ポリペプチドに被験者血清を接触させ、該固形癌抗原ポリペプチドと被験者血清中のIgG抗体とを液相中において反応させることにより行う。さらに血清中のIgG抗体と特異的に結合する標識化IgG抗体を反応させて、標識化IgG抗体のシグナルを検出すればよい。標識化抗体に使用する標識としては、酵素、放射性同位体又は蛍光色素を使用することができる。酵素は、代謝回転数が大きいこと、抗体と結合させても安定であること、基質を特異的に着色させる等の条件を満たすものであれば特段の制限はなく、通常酵素免疫アッセイ（EIA）に用いられる酵素、例えば、ペルオキシダーゼ、 β -ガラクトシダーゼ、アルカリフォスファターゼ、グルコースオキシダーゼ、アセチルコリンエステラーゼ、グルコース-6-リン酸化脱水素酵素、リンゴ酸脱水素酵素等を用いることもできる。また、酵素阻害物質や補酵素等を用いることもできる。これら酵素と抗体との結合は、マレイミド化合物等の架橋剤を用いる公知の方法によって行うことができる。基質としては、使用する酵素の種類に応じて公知の物質を使用することができる。例えば酵素としてペルオキシダーゼを使用する場合には、3,3',5,5'-テトラメチルベンジシンを、また酵素としてアルカリフォスファターゼを用いる場合には、パラニトロフェノール等を用いることができる。

【0053】

酵素を用いる場合には、酵素作用によって分解して発色する基質を加え、基質の分解量を光学的に測定することによって酵素活性を求め、これを結合抗体量に換算し、標準値との比較から抗体量が算出される。

【0054】

放射性同位体としては、 ^{125}I や ^3H 等の通常のラジオイムノアッセイ（RIA）で用いられているものを使用することができる。放射性同位体を用いる場合には、放射性同位体の発する放射線量をシンチレーションカウンター等により測定する。

【0055】

蛍光色素としては、フルオレッセンスイソチオシアネート（FITC）やテトラメチルローダミンイソチオシアネート（TRITC）等の通常の蛍光抗体法に用いられるものを使用することができる。蛍光色素を用いる場合には、蛍光顕微鏡を組み合わせた測定装置によって蛍光量を測定すればよい。

【0056】

さらにまた、標識化抗体には、マンガンや鉄等の金属を結合させたものも含まれる。このような金属結合抗体を体内に投与し、MRI等によって金属を測定することによって、血清中抗体の存在、すなわち固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することができる。

【0057】

シグナルの検出は、例えば、ウエスタンブロット分析を採用することができる。あるいは、抗原ポリペプチド＋血清中抗体＋標識化IgG抗体の結合体を、公知の分離手段（クロマト法、塩析法、アルコール沈殿法、酵素法、固相法等）によって分離し、標識化IgG抗体のシグナルを検出するようにしてもよい。

【0058】

また、抗原ポリペプチドの1種類以上を固相（プレート、メンブレン、ビーズ等）上に固定化し、この固相上において被験者血清の抗体との結合を試験することもできる。抗原ポリペプチドを固相上に固定化することによって、未結合の標識化結合分子を容易に除去することができる。また特に、数十種類の抗原ポリペプチドを固定化したメンブレンを用いるプロテインアレイ法では、0.01ml程度の被験者血清を用いて多種類の抗体の発現を短時間で解析することができる。

【0059】

（3）プライマー又はプローブ

本固形癌診断用キットは、表1に示す固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの全部若しくは一部の配列又はその相補配列を含むプライマー又はプローブを含むものであってもよい。該プライマー又はプローブは、被験者由来のサンプル中に発現している抗原ポリペプチドのmRNA又はmRNAから合成したcDNAと特異的に結合して、サンプル中の抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の発現、すなわち抗原ポリペプチドの発現を検出することが可能である。

【0060】

プライマー及びプローブは、当業者に公知の手法に従って、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74の各塩基配列に基づき設計することができる。プライマー及びプローブ設計の留意点として、例えば以下を指摘することができる。

【0061】

プライマーとして実質的な機能を有する長さとしては、10塩基以上が好ましく、さらに好ましくは16～50塩基であり、さらに好ましくは20～30塩基である。またプローブとして実質的な機能を有する長さとしては、10塩基以上が好ましく、さらに好ましくは16～50塩基であり、さらに好ましくは20～30塩基である。

【0062】

また設計の際には、プライマー又はプローブの融解温度（ T_m ）を確認することが好ましい。 T_m とは、任意のポリヌクレオチド鎖の50%がその相補鎖とハイブリッドを形成する温度を意味し、鋳型DNA又はRNAとプライマー又はプローブとが二本鎖を形成してアニーリング又はハイブリダイズするためには、アニーリング又はハイブリダイゼーションの温度を最適化する必要がある。一方、この温度を下げすぎると非特異的な反応が起

こるため、温度は可能な限り高いことが望ましい。従って、設計しようとするプライマー又はプローブの T_m は、増幅反応又はハイブリダイゼーションを行う上で重要な因子である。 T_m の確認には、公知のプライマー又はプローブ設計用ソフトウェアを利用することができ、本発明で利用可能なソフトウェアとしては、例えばOligo TM [National Bioscience Inc. (米国) 製]、GENETYX [ソフトウェア開発(株)(日本) 製] 等などが挙げられる。また T_m の確認は、ソフトウェアを使わず、自ら計算することによっても行うことができる。その場合には、最近接塩基対法 (Nearest Neighbor Method)、Wallance 法、GC % 法等に基づく計算式を利用することができる。本発明では、平均 T_m が約45～55℃であることが好ましい。

【0063】

プライマー又はプローブとして特異的なアニーリング又はハイブリダイズが可能な条件としては、その他にもGC含量などがあり、そのような条件は当業者に周知である。

【0064】

上述のように設計したプライマー及びプローブは、当業者に公知の方法に従って調製することができる。さらに、当業者には周知のように、プライマー又はプローブには、アニーリング又はハイブリダイズする部分以外の配列、例えばタグ配列などの付加配列が含まれていてもよく、上述したプライマー又はプローブにそのような付加配列が付加されたものも本発明の範囲内に含まれるものとする。

【0065】

被験者由来のサンプルにおける固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するためには、上記プライマー及び／又はプローブをそれぞれ増幅反応又はハイブリダイゼーション反応において用い、その増幅産物又はハイブリッド産物を検出する。

【0066】

サンプルとしては、便や血液、血液細胞(単核球等)を対象とすることができる。また増幅反応又はハイブリダイゼーション反応を行う場合には、通常は、被験者由来のサンプルから被検核酸を調製する。被検核酸は、核酸であればDNA又はRNAのいずれでもよい。DNA又はRNAは、当技術分野で周知の方法を適宜使用して抽出することができる。例えば、DNAを抽出する場合には、フェノール抽出及びエタノール沈殿を行う方法、ガラスビーズを用いる方法など、またRNAを抽出する場合には、グアニジニー塩化セシウム超遠心法、ホットフェノール法、又はチオシアン酸グアニニウムフェノールクロロホルム(AGPC)法などを利用することができる。以上のように調製したサンプル又は被検核酸を用いて、以下に示す増幅反応及び／又はハイブリダイゼーション反応を行う。

【0067】

プライマーを用いて被検核酸を鋳型とした増幅反応を行い、その特異的増幅反応を検出することにより、サンプル中の固形癌抗原ポリペプチドの発現の検出を行うことができる。

【0068】

増幅手法としては、特に限定されないが、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)法の原理を利用した公知の方法を挙げることができる。例えば、PCR法、LAMP (Loop-mediated isothermal AMPlification) 法、ICAN (Isothermal and Chimeric primer-initiated Amplification of Nucleic acids) 法、RCA (Rolling Circle Amplification) 法、LCR (Ligase Chain Reaction) 法、SDA (Strand Displacement Amplification) 法等を挙げることができる。増幅は、増幅産物が検出可能なレベルになるまで行う。

【0069】

例えば、PCR法は、被検核酸であるDNAを鋳型として、DNAポリメラーゼにより、一対のプライマー間の塩基配列を合成するものである。PCR法によれば、変性、アニーリング及び合成からなるサイクルを繰り返すことによって、増幅断片を指数関数的に増幅させることができる。PCRの最適条件は、当業者であれば容易に決定することができる。

【 0 0 7 0 】

また R T - P C R 法では、まず、被検核酸である R N A を鋳型として、逆転写酵素反応により c D N A を作製し、その後、作製した c D N A を鋳型として一对のプライマーを用いて P C R 法を行うものである。

【 0 0 7 1 】

なお、増幅手法として競合 P C R 法やリアルタイム P C R 法等の定量的 P C R 法などを採用することにより、定量的な検出が可能となる。

【 0 0 7 2 】

上記増幅反応後に特異的な増幅反応が起こったか否かを検出するには、増幅反応により得られる増幅産物を特異的に認識することができる公知の手段を用いることができる。例えば、アガロースゲル電気泳動法等を利用して、特定のサイズの増幅断片が増幅されているか否かを確認することにより、特異的な増幅反応を検出することができる。

【 0 0 7 3 】

あるいは、増幅反応の過程で取り込まれる d N T P に、放射性同位体、蛍光物質、発光物質などの標識体を作用させ、この標識体を検出することができる。放射性同位体としては、 ^{32}P 、 ^{125}I 、 ^{35}S などを用いることができる。また蛍光物質としては、例えば、フルオレセン (F I T C)、スルホローダミン (S R)、テトラメチルローダミン (T R I T C) などを用いることができる。また発光物質としてはルシフェリンなどを用いることができる。

【 0 0 7 4 】

これら標識体の種類や標識体の導入方法等に関しては、特に制限されることはなく、従来公知の各種手段を用いることができる。例えば標識体の導入方法としては、放射性同位体を用いるランダムプライム法が挙げられる。

【 0 0 7 5 】

標識した d N T P を取り込んだ増幅産物を観察する方法としては、上述した標識体を検出するための当技術分野で公知の方法であればいずれの方法でもよい。例えば、標識体として放射性同位体を用いた場合には、放射活性を、例えば液体シンチレーションカウンター、γ-カウンターなどにより計測することができる。また標識体として蛍光を用いた場合には、その蛍光を蛍光顕微鏡、蛍光プレートリーダーなどを用いて検出することができる。

【 0 0 7 6 】

以上のようにして特異的な増幅反応が検出された場合には、サンプル中に固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子が発現している、すなわち固形癌抗原ポリペプチドが発現していることとなる。従って、サンプル中に抗原ポリペプチドが発現している被験者を固形癌患者又はハイリスク者と診断する。

【 0 0 7 7 】

また、プローブを用いてサンプル又は被検核酸に対するハイブリダイゼーション反応を行い、その特異的結合 (ハイブリッド) を検出することにより、固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することもできる。

【 0 0 7 8 】

ハイブリダイゼーション反応は、プローブが固形癌抗原ポリペプチドに由来するポリヌクレオチドのみと特異的に結合するような条件、すなわちストリンジেন্টな条件下で行う必要がある。そのようなストリンジেন্টな条件は当技術分野で周知であり、特に限定されない。ストリンジেন্টな条件としては、例えばナトリウム濃度が、 $10 \sim 300 \text{ m M}$ 、好ましくは $20 \sim 100 \text{ m M}$ であり、温度が $25 \sim 70^\circ\text{C}$ 、好ましくは $42 \sim 55^\circ\text{C}$ における条件が挙げられる。

【 0 0 7 9 】

ハイブリダイゼーションを行う場合には、プローブに蛍光標識 (フルオレセイン、ローダミンなど)、放射性標識 (^{32}P など)、酵素標識 (アルカリホスファターゼ、西洋ワサビパーオキシダーゼ等)、ビオチン標識等の適当な標識を付加することができる。従って

、本固形癌診断用キットには、上記のような標識を付加したプローブも含まれる。

【0080】

標識化プローブを用いた検出は、サンプル又はそれから調製した被検核酸とプローブとをハイブリダイズ可能なように接触させることを含む。「ハイブリダイズ可能なように」とは、上述したストリンジেন্টな条件下にて特異的な結合が起こる環境（温度、塩濃度）において、ということである。具体的には、サンプル又は被検核酸をスライドガラス、メンブラン、マイクロタイタープレート等の適当な固相に固定化し、標識を付加したプローブを添加することにより、プローブとサンプル又は被検核酸とを接触させてハイブリダイゼーション反応を行い、ハイブリダイズしなかったプローブを除去した後、サンプル又は被検核酸とハイブリダイズしているプローブの標識を検出する。標識が検出された場合には、サンプル中に固形癌抗原ポリペプチドが発現していることとなる。従って、サンプル中に抗原ポリペプチドが発現している被験者を固形癌患者又はハイリスク者と診断する。

【0081】

また、標識の濃度を指標とすることにより、定量的な検出も可能となる。標識化プローブを用いた検出方法の例としては、サザンハイブリダイゼーション法、ノーザンハイブリダイゼーション法、FISH（蛍光i n s i t uハイブリダイゼーション）法等を挙げることができる。

【0082】

また、本固形癌診断キットを用いて診断を行う場合には、被験者に由来するサンプル中の固形癌抗原ポリペプチドの発現量を測定し、1種以上の固形癌抗原ポリペプチドの発現が健常者のそれらと比較して多い被験者を固形癌患者又はそのハイリスク者と判定する。具体的な判定基準としては、被験者の固形癌抗原ポリペプチド発現量が健常者のそれと比較して、10%以上、好ましくは30%以上、さらに好ましくは70%以上、最も好ましくは100%以上である場合である。

【0083】

3. 固形癌の予防又は治療用医薬

3.1. 固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現抑制

固形癌抗原ポリペプチドは、固形癌において特異的に発現するものであるため、その発現が細胞の癌化の原因となっている可能性が高い。そのため、固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制すれば、細胞の癌化やその進行に対する治療効果が期待される。

【0084】

従って、上記の1種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能及び発現を抑制するための手段は、固形癌の予防及び／又は治療用医薬として有効である。

【0085】

かかるヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段としては、
（1）固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体
（2）固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段
（3）固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段
が挙げられる。

【0086】

（1）固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、被験者における固形癌抗原ポリペプチドと特異的に結合することにより、該抗原ポリペプチドの活性を抑制することができる。従って、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体を含む医薬は、固形癌の治療又は予防に有効である。

【0087】

（2）固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段

固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制する手段としては、対象となる被験者における当該遺伝子の転写プロモーター領域を転写抑制型プロモーターと置換す

るために用いることが可能な発現ベクターが挙げられる。また、固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制する手段としては、当該遺伝子の転写に関わる領域に転写抑制活性のある塩基配列を挿入するための発現ベクターを用いてもよい。上記のような発現ベクターの設計及び調製は当業者には周知である。

【0088】

(3) 固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段

また、固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制する手段としては、いわゆるアンチセンスRNAを用いる方法が挙げられる。すなわち、当該遺伝子のmRNAに対するアンチセンスRNAを転写する遺伝子を、プラスミドとして導入するか又は被験者のゲノムに組み込み、当該アンチセンスRNAを過剰発現させることで、固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子のmRNAの翻訳が抑制される。アンチセンスRNAに関する技術は、例えば哺乳動物を宿主とした場合でも知られている(Han et al. (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88, 4313-4317; Hackett et al. (2000) Plant Physiol., 124, 1079-86)。

【0089】

また、固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制するために、RNA干渉(RNA interference)を利用することも可能である。具体的には、標的とする固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の塩基配列に相補的な二本鎖RNAを細胞内に導入すると、固形癌抗原ポリペプチドをコードする内在性遺伝子のmRNAが分解されて、結果としてその細胞での遺伝子発現が特異的に抑制されることとなる。この手法は、哺乳動物細胞などにおいても確認されている(Hannon, G.J., Nature (2002) 418, 244-251 (review); 特表2002-516062号公報; 特表平8-506734号公報)。

【0090】

3. 2. 固形癌に対するターゲティング

固形癌抗原ポリペプチドは、固形癌において特異的に発現するものであるため、この特異的発現を利用して固形癌にターゲティングする手段を用いることによって、固形癌治療薬を癌部位で有効に作用させることが可能となる。

【0091】

従って、上記の固形癌にターゲティングする手段もまた、固形癌の予防及び／又は治療用医薬として有効であり、本発明に係る固形癌の予防又は治療用医薬は、固形癌治療薬又は固形癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固形癌にターゲティングする手段とを含むものである。

【0092】

かかるヒト固形癌にターゲティングする手段としては、

- (1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体
- (2) 固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列が挙げられる。

【0093】

(1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、癌細胞で特異的に発現する抗原ポリペプチドに結合するため、この抗体に公知の固形癌治療薬(例えば抗癌剤や免疫増強剤)を結合させて患者体内に投与することによって、固形癌治療薬を癌細胞特異的に作用させることができる。

【0094】

(2) 固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列
固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域(以下、「プロモーター配列」と記載する)は、固形癌細胞で特異的に発現する遺伝子の発現制御領域であるため、このプロモーター配列に固形癌治療薬をコードするポリヌクレオチドを連結して治療用遺伝子を作製し、これを体内に投与すれば、治療用遺伝子を癌細胞特異的に発現

させることが可能となる。抗癌作用を有する物質又は抗癌作用を有する物質の前駆物質をコードするポリヌクレオチドとしては、例えば p 5 3、単純ヘルペスウイルスチミジンキナーゼ、インターロイキン-2、-12、-17、-18、シトシンデアミナーゼ、ウラシルホスホリボシルトランスフェラーゼ等をコードする遺伝子DNAやそのcDNA等を利用することができる。また、このプロモーター配列は、アデノウイルスやヘルペスウイルスを癌細胞特異的に増殖させて癌細胞を融解させる治療法に使用することもできる。すなわち、例えばアデノウイルスのE1A領域の前にプロモーター配列を挿入することによって、このアデノウイルスは癌細胞においてのみ特異的に増殖し、癌細胞を融解させる。

【0095】

3. 3. 医薬の適用対象及び投与

本発明の医薬の適用対象となる固形癌は、大腸癌、食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等が挙げられ、特に限定はされないが、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌である。

【0096】

本発明の医薬は、上記固形癌の発症を予防することを目的として、あるいは上記固形癌患者又は固形癌のリスクが高いと診断された患者に対しては症状の悪化の防止又は症状の軽減などを目的として投与することができる。

【0097】

上記の手段を固形癌の治療及び／又は予防のための医薬として用いる場合には、薬学的に許容され得る担体と配合して医薬組成物として用いることもできる。このときの有効成分の担体に対する割合は、1～90%の間で適宜調整すればよい。

【0098】

本発明の医薬の投与形態としては、通常の静脈内、動脈内等の全身投与のほか、癌原病巣に対して又は癌腫に対応した予想転移部位に対して局所注射等の局所投与を行うことが好ましい。

【0099】

本発明の医薬の投与量は、年齢、性別、症状、投与経路、投与回数、剤形によって異なり、これらは当業者又は医師が適宜調整すればよい。

【実施例】

【0100】

以下、実施例を用いて本方法をより詳細に説明するが、本発明の技術的範囲はこれら実施例に限定されるものではない。

【0101】

〔実施例1〕二次元電気泳動による大腸癌抗原ポリペプチドの同定

〔1〕材料と方法

患者（6例）の了解のもと、大腸癌摘出直後の癌部及び非癌部組織のそれぞれから凍結標本を採取し、-80℃に保存した。この凍結標本の適量を9.5M Urea、2% CHAPS、1% DTT、プロテアーゼインヒビターコンプリート（ロッシュ）溶液中でホモジェナイズした後、超高速遠心器（日立）で100,000gにて遠心し、上清（タンパク質溶液）を抽出し、吸光度によりタンパク質濃度を同定した。

【0102】

癌部及び非癌部組織から得られたタンパク質それぞれ400μgを一次元目はアガロース等電点電気泳動で、二次元目は12%又は6～10%Tris/Glycine SDSポリアクリルアミドゲル電気泳動で分離した。分離されたタンパク質をクーマシーブリアントブルーR250で染色し、非癌部組織に比較して癌部組織で発現量が増大しているスポットを検出した。このスポットからゲルを切り出し、ゲル中に含まれているタンパク質をトリプシン（ロッシュ）により消化し、得られたペプチドを回収し、イオントラップ型質量分析器（サーモクエスト社LCQ DECA XP）によりアミノ酸配列を決定した。

【0103】

〔2〕結果

結果を図1A及びBに示す。6例の大腸癌患者の癌組織(tumor)及び正常組織(Normal)を比較したところ、6例中4例以上の癌組織において、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38及び40に示されるアミノ酸配列を有するタンパク質の特異的発現が確認された。図1A及びB中、丸で囲んだタンパク質を示している番号は、表1の1～20の各抗原ポリペプチドに対応する。

【0104】

これらのタンパク質をコードする塩基配列は、それぞれ配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37及び39に示され、それぞれの遺伝子は表1に示したとおりである。

【0105】

〔実施例2〕SEREX法による固形癌抗原ポリペプチドの特定

〔1〕cDNAライブラリーの作製

ヒト食道癌由来の細胞株T.Tnを、カナマイシン(100 μ g/ml)を添加した10%のウシ胎児血清を含むDMEM培地で培養した。これらの培養細胞からグアニジウムチオシアネート-フェノール-クロロホルム抽出法によりトータルRNA(250 μ g)を単離し、oligo-dT(Oligotex-dT30 super, TAKARA社)を用いたポリ(A)セレクションを2回行い、mRNAを精製した。この得られたmRNA(5.7 μ g)を用いて各細胞のcDNAライブラリーを構築した。一本鎖cDNAは、XhoIリンカープライマーと5-メチル dCTPを用いて合成した。この一本鎖cDNAからT4 DNAポリメラーゼにより平滑末端を有する二本鎖cDNAを合成し、この二本鎖cDNAの両端に制限酵素サイト(EcoRI/ λ ZAP II)を含むリンカーを付加した。cDNAフラグメントをバクテリオファージ(Stratagene社)に挿入し、それぞれの癌細胞について、約 1.8×10^6 個のクローンからなるcDNAライブラリーを作製した。

【0106】

〔2〕cDNAライブラリーのスクリーニング

上記で作製した各癌細胞のcDNAライブラリーの各ファージベクターを大腸菌XL1-B1ueに感染させ、NZYアガロースプレート上でプラークを形成させた。各感染大腸菌に対して、10mMのIPTG処理により発現誘導し、各cDNAがコードするペプチドを発現させた。このペプチドをニトロセルロース膜(NitroBind: Osmonics社)に転写し、TBST[0.5%のTween 20を含むTBST(10mMのTris-HCl、150mMのNaCl; pH 7.5)]で膜を洗浄して吸着したバクテリオファージを除去した後、1%のアルブミンを含むTBST-Tweenにて非特異反応を抑制した。このフィルターを食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者血清と室温でそれぞれ2時間反応させた。

【0107】

血清は、患者から単離した後、-80℃で保存し、使用直前に1重量%のアルブミンを含むTBST-Tween(0.5%のポリオキシエチレンソルビタンモノラウレートを含むTBST-Tween)溶液で500倍に最終的に希釈したものをを用いた。この希釈した血清を、大腸菌のライセートと1:5の割合で混合し、4℃で8時間放置後、15,000回転にて20分間遠心し、上清を回収したものをを用いた。また、必要に応じて無処理の血清を2000倍に希釈して用いた。

【0108】

血清と、上記の発現ペプチドをブロットしたニトロセルロース膜とを室温で10～20時間反応させて血清中の抗体が反応したポリペプチドを特定した。すなわち、二次抗体として5000倍に希釈したアルカリフォスファターゼ標識抗ヒトIgG-F(ab')₂ヤギ抗体(Jackson社)を用いて反応させ、ニトロブルーテトラゾリウム(Wako社)と5-ブロモ-4-クロロ-3-インドリルホスフェート(Wako社)を用いた酵素発色反応により標識シグナルを検出し、発色反応陽性部位に一致するコロニーをアガロースプレート上から採取し、SM緩衝液(100mMのNaCl、10mMのMgSO₄、50mMの

Tris-HCl; pH 7.5) に溶解させた。発色反応陽性コロニーが単一化するまで上記と同様の方法で、二次、三次スクリーニングを繰り返し、5名の患者の血清中のIgGと反応するファージクローンをスクリーニングして、陽性クローンを単離した。

【0109】
[3] 新規抗原の特定

得られた陽性クローンから、PCR法によりインサートDNAを複製し、得られた産物を、Big Dye DNA Sequencing Kit (ABI社) とABI Prism (Perkin Elmer社) とを用いて配列決定した。既存データベースを用いて検索した結果、既知の癌関連遺伝子の発現産物である抗原ポリペプチドを除き、さらに複数の患者の血清中抗体と反応する19種の新規抗原ポリペプチドを特定した。この新規抗原ポリペプチドの抗体陽性率を表2に示す。

【0110】
【表2】

No.	クローン名	名称	登録番号	抗体陽性率(%)					
				食道癌患者	早期食道癌患者	大腸癌患者	胃癌患者	乳癌患者	健常者
1	K35-1-1	プロゲステロン受容体膜コンポーネント2	NM_006320	10	13	0	20	0	10
2	K30-1-1	MAP キナーゼ結合セリン/トレオニンキナーゼ2	NM_199054	0	13	10	20	20	5
3	12N3-1	EST: 601191782F1	BE264462	5	0	0	0	0	0
4	12O1-1	EST: 602301679F1	BG032310	15	0	10	30	0	0
5	14A1-1-1	付加的性腺類似1	NM_015338	15	13	10	10	0	6
6	18G3-1	フォークヘッドボックス A1	NM_004496	10	0	0	0	20	0
7	19C1-1	レチノイン酸誘導 16	NM_022749	5	0	0	0	10	0
8	19F1-1	リケン cDNA 5730528L13 類似遺伝子	NM_080655	5	0	40	10	10	5
9	19F1-2	リシン tRNA 合成酵素	BC004132	0	13	20	20	20	0
10	6BD3-1	EST: AGENCOURT_15657942	CF597227	14					0
11	14H1-2-1	KDEL 小胞体タンパク質保持受容体1	NM_006801	10					0
12	18B2-1	リソソーム結合タンパク質 膜貫通4ペータ	NM_018407	10					0
13	18G1-1	タンパク質ホスファターゼ1, 触媒サブユニット、αアイソフォーム	NM_002708	10					0
14	20J4-1	ペルオキシレドキシシン3	NM_006793	14					0
15	19M2	アルドケトレダクターゼファミリー1, メンバーC3	NM_003739	38					0
16	10Q3-1	ユビキチン結合酵素 E2I	BC000744	33					0
17	14A1-1-2	ホスファチジン酸ホスファターゼ、タイプ 2C	NM_003712	40					21
18	14B1-2-1	ベータカテニン相互作用タンパク質1	NM_020248	33					17
19	14H2-1-1	ソーティングネキシン15	NM_147777	11					4

【0111】
これら19種の新規抗原ポリペプチドのアミノ酸をコードするポリヌクレオチド(cDNA)配列は、それぞれ配列番号41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74に示される各塩基配列を有している。また、配列番号41、43、47、49、51、53、55、58、60、62、64、66、68、70、72及び74に示される各塩基配列は、それぞれ

配列番号 42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 のアミノ酸配列を有している。

【0112】

図2～20は、これら19種の新規抗原ポリペプチドと各患者血清中の抗体との結合反応を調べたウエスタンブロット分析の結果である。この図2～20において、矢印は患者血清中の抗体と特異的に反応したポリペプチドを示す。IPTG処理した大腸菌抽出液において検出され、無処理の大腸菌抽出液には検出されないことから導入したcDNA由来のポリペプチドであると確認できる。

【産業上の利用可能性】

【0113】

以上、詳細に説明したように、本発明に係る固形癌診断キットにより、固形癌を高精度で診断することができ、固形癌の早期診断に有用である。また、本発明に係る固形癌予防又は治療用医薬により、固形癌のみを標的とする治療法を行うことが可能となる。

【図面の簡単な説明】

【0114】

【図1A】大腸癌患者の癌組織及び正常組織における抗原タンパク質の特異的発現の比較を示す図である。

【図1B】大腸癌患者の癌組織及び正常組織における抗原タンパク質の特異的発現の比較を示す図である。

【図2】配列番号41に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図3】配列番号43に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図4】配列番号45に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図5】配列番号46に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図6】配列番号47に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図7】配列番号49に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図8】配列番号51に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図9】配列番号53に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図10】配列番号55に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図11】配列番号57に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図12】配列番号58に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペ

プチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 3】 配列番号 6 0 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 4】 配列番号 6 2 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 5】 配列番号 6 4 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 6】 配列番号 6 6 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 7】 配列番号 6 8 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 8】 配列番号 7 0 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 9】 配列番号 7 2 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 2 0】 配列番号 7 4 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Japan Science and Technology Agency

<120> Human solid tumor-specific proteins

<130> P04-0027

<160> 75

<170> Patentln version 3.1

<210> 1

<211> 1321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (87)..(1103)

<223>

<400> 1

ggcgctgggc agtgtggagg tcgttggagt cacttcgcgc tcaccagctc ctgtgcctgc 60

cagtcggtgc ccctcccgct ccagcc atg ctc tcc gcc ctc gcc cgg cct gcc 113

Met Leu Ser Ala Leu Ala Arg Pro Ala

1 5

agc gct gct ctc cgc cgc agc ttc agc acc tcg gcc cag aac aat gct 161

Ser Ala Ala Leu Arg Arg Ser Phe Ser Thr Ser Ala Gln Asn Asn Ala

10 15 20 25

aaa gta gct gtg cta ggg gcc tct gga ggc atc ggg cag cca ctt tca 209

Lys Val Ala Val Leu Gly Ala Ser Gly Gly Ile Gly Gln Pro Leu Ser

30 35 40

ctt ctc ctg aag aac agc ccc ttg gtg agc cgc ctg acc ctc tat gat 257

Leu Leu Leu Lys Asn Ser Pro Leu Val Ser Arg Leu Thr Leu Tyr Asp

45 50 55

atc gcg cac aca ccc gga gtg gcc gca gat ctg agc cac atc gag acc 305

Ile Ala His Thr Pro Gly Val Ala Ala Asp Leu Ser His Ile Glu Thr

60 65 70

aaa gcc gct gtg aaa ggc tac ctc gga cct gaa cag ctg cct gac tgc 353

Lys Ala Ala Val Lys Gly Tyr Leu Gly Pro Glu Gln Leu Pro Asp Cys

75 80 85

ctg	aaa	ggt	tgt	gat	gtg	gta	gtt	att	ccg	gct	gga	gtc	ccc	aga	aag	401
Leu	Lys	Gly	Cys	Asp	Val	Val	Val	Ile	Pro	Ala	Gly	Val	Pro	Arg	Lys	
90					95					100					105	
cca	ggc	atg	acc	cgg	gac	gac	ctg	ttc	aac	acc	aat	gcc	acg	att	gtg	449
Pro	Gly	Met	Thr	Arg	Asp	Asp	Leu	Phe	Asn	Thr	Asn	Ala	Thr	Ile	Val	
				110					115					120		
gcc	acc	ctg	acc	gct	gcc	tgt	gcc	cag	cac	tgc	ccg	gaa	gcc	atg	atc	497
Ala	Thr	Leu	Thr	Ala	Ala	Cys	Ala	Gln	His	Cys	Pro	Glu	Ala	Met	Ile	
			125					130					135			
tgc	gtc	att	gcc	aat	ccg	gtt	aat	tcc	acc	atc	ccc	atc	aca	gca	gaa	545
Cys	Val	Ile	Ala	Asn	Pro	Val	Asn	Ser	Thr	Ile	Pro	Ile	Thr	Ala	Glu	
		140					145					150				
gtt	ttc	aag	aag	cat	gga	gtg	tac	aac	ccc	aac	aaa	atc	ttc	ggc	gtg	593
Val	Phe	Lys	Lys	His	Gly	Val	Tyr	Asn	Pro	Asn	Lys	Ile	Phe	Gly	Val	
	155					160					165					
acg	acc	ctg	gac	atc	gtc	aga	gcc	aac	acc	ttt	gtt	gca	gag	ctg	aag	641
Thr	Thr	Leu	Asp	Ile	Val	Arg	Ala	Asn	Thr	Phe	Val	Ala	Glu	Leu	Lys	
170					175					180					185	
ggt	ttg	gat	cca	gct	cga	gtc	aac	gtc	cct	gtc	att	ggt	ggc	cat	gct	689
Gly	Leu	Asp	Pro	Ala	Arg	Val	Asn	Val	Pro	Val	Ile	Gly	Gly	His	Ala	
				190					195					200		
ggg	aag	acc	atc	atc	ccc	ctg	atc	tct	cag	tgc	acc	ccc	aag	gtg	gac	737
Gly	Lys	Thr	Ile	Ile	Pro	Leu	Ile	Ser	Gln	Cys	Thr	Pro	Lys	Val	Asp	
			205					210					215			
ttt	ccc	cag	gac	cag	ctg	aca	gca	ctc	act	ggg	cgg	atc	cag	gag	gcc	785
Phe	Pro	Gln	Asp	Gln	Leu	Thr	Ala	Leu	Thr	Gly	Arg	Ile	Gln	Glu	Ala	
		220					225					230				
ggc	acg	gag	gtg	gtc	aag	gct	aaa	gcc	gga	gca	ggc	tct	gcc	acc	ctc	833
Gly	Thr	Glu	Val	Val	Lys	Ala	Lys	Ala	Gly	Ala	Gly	Ser	Ala	Thr	Leu	
	235					240					245					
tcc	atg	gcg	tat	gcc	ggc	gcc	cgc	ttt	gtc	ttc	tcc	ctt	gtg	gat	gca	881
Ser	Met	Ala	Tyr	Ala	Gly	Ala	Arg	Phe	Val	Phe	Ser	Leu	Val	Asp	Ala	
250					255					260					265	
atg	aat	gga	aag	gaa	ggt	gtt	gtg	gaa	tgt	tcc	ttc	gtt	aag	tca	cag	929
Met	Asn	Gly	Lys	Glu	Gly	Val	Val	Glu	Cys	Ser	Phe	Val	Lys	Ser	Gln	
				270					275					280		
gaa	acg	gaa	tgt	acc	tac	ttc	tcc	aca	ccg	ctg	ctg	ctt	ggg	aaa	aag	977
Glu	Thr	Glu	Cys	Thr	Tyr	Phe	Ser	Thr	Pro	Leu	Leu	Leu	Gly	Lys	Lys	

285

290

295

ggc atc gag aag aac ctg ggc atc ggc aaa gtc tcc tct ttt gag gag
Gly Ile Glu Lys Asn Leu Gly Ile Gly Lys Val Ser Ser Phe Glu Glu
300 305 310

1025

aag atg atc tcg gat gcc atc ccc gag ctg aag gcc tcc atc aag aag
Lys Met Ile Ser Asp Ala Ile Pro Glu Leu Lys Ala Ser Ile Lys Lys
315 320 325

1073

ggg gaa gat ttc gtg aag acc ctg aag tga gccgctgtga cgggtggcca
Gly Glu Asp Phe Val Lys Thr Leu Lys
330 335

1123

gtttccttaa tttatgaagg catcatgtca ctgcaaagcc gttgcagata aactttgtat
1183

tttaatttgc tttggtgatg attactgtat tgacatcadc atgccttcca aattgtgggt
1243

ggctctgtgg gcgcatcaat aaaagccgtc cttgatttta tttttcaagg tcccttctgt
1303

aaaaaaaaa aaaaaaaaa
1321

<210> 2
<211> 338
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 2

Met Leu Ser Ala Leu Ala Arg Pro Ala Ser Ala Ala Leu Arg Arg Ser
1 5 10 15

Phe Ser Thr Ser Ala Gln Asn Asn Ala Lys Val Ala Val Leu Gly Ala
20 25 30

Ser Gly Gly Ile Gly Gln Pro Leu Ser Leu Leu Leu Lys Asn Ser Pro
35 40 45

Leu Val Ser Arg Leu Thr Leu Tyr Asp Ile Ala His Thr Pro Gly Val
50 55 60

Ala Ala Asp Leu Ser His Ile Glu Thr Lys Ala Ala Val Lys Gly Tyr
65 70 75 80

Leu	Gly	Pro	Glu	Gln	Leu	Pro	Asp	Cys	Leu	Lys	Gly	Cys	Asp	Val	Val	
				85					90					95		
Val	Ile	Pro	Ala	Gly	Val	Pro	Arg	Lys	Pro	Gly	Met	Thr	Arg	Asp	Asp	
			100					105					110			
Leu	Phe	Asn	Thr	Asn	Ala	Thr	Ile	Val	Ala	Thr	Leu	Thr	Ala	Ala	Cys	
		115					120					125				
Ala	Gln	His	Cys	Pro	Glu	Ala	Met	Ile	Cys	Val	Ile	Ala	Asn	Pro	Val	
	130						135				140					
Asn	Ser	Thr	Ile	Pro	Ile	Thr	Ala	Glu	Val	Phe	Lys	Lys	His	Gly	Val	
145					150					155					160	
Tyr	Asn	Pro	Asn	Lys	Ile	Phe	Gly	Val	Thr	Thr	Leu	Asp	Ile	Val	Arg	
				165					170					175		
Ala	Asn	Thr	Phe	Val	Ala	Glu	Leu	Lys	Gly	Leu	Asp	Pro	Ala	Arg	Val	
			180					185					190			
Asn	Val	Pro	Val	Ile	Gly	Gly	His	Ala	Gly	Lys	Thr	Ile	Ile	Pro	Leu	
		195					200					205				
Ile	Ser	Gln	Cys	Thr	Pro	Lys	Val	Asp	Phe	Pro	Gln	Asp	Gln	Leu	Thr	
	210					215					220					
Ala	Leu	Thr	Gly	Arg	Ile	Gln	Glu	Ala	Gly	Thr	Glu	Val	Val	Lys	Ala	
225					230					235					240	
Lys	Ala	Gly	Ala	Gly	Ser	Ala	Thr	Leu	Ser	Met	Ala	Tyr	Ala	Gly	Ala	
				245					250					255		
Arg	Phe	Val	Phe	Ser	Leu	Val	Asp	Ala	Met	Asn	Gly	Lys	Glu	Gly	Val	
			260					265					270			
Val	Glu	Cys	Ser	Phe	Val	Lys	Ser	Gln	Glu	Thr	Glu	Cys	Thr	Tyr	Phe	
		275					280					285				

Ser Thr Pro Leu Leu Leu Gly Lys Lys Gly Ile Glu Lys Asn Leu Gly
290 295 300

Ile Gly Lys Val Ser Ser Phe Glu Glu Lys Met Ile Ser Asp Ala Ile
305 310 315 320

Pro Glu Leu Lys Ala Ser Ile Lys Lys Gly Glu Asp Phe Val Lys Thr
325 330 335

Leu Lys

<210> 3
<211> 2049
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (51)..(797)
<223>

<400> 3
gagcccagcc gagcgtccgc cgctgccccgt gcgcctctctgc gctccgcgcc atg gcc 56
Met Ala
1

ggc ctc aac tcc ctg gag gcg gtg aaa cgc aag atc cag gcc ctg cag 104
Gly Leu Asn Ser Leu Glu Ala Val Lys Arg Lys Ile Gln Ala Leu Gln
5 10 15

cag cag gcg gac gag gcg gaa gac cgc gcg cag ggc ctg cag cgg gag 152
Gln Gln Ala Asp Glu Ala Glu Asp Arg Ala Gln Gly Leu Gln Arg Glu
20 25 30

ctg gac ggc gag cgc gag cgg cgc gag aaa gct gaa ggt gat gtg gcc 200
Leu Asp Gly Glu Arg Glu Arg Arg Glu Lys Ala Glu Gly Asp Val Ala
35 40 45 50

gcc ctc aac cga gcg atc cag ctc gtt gag gag gag ttg gac agg gct 248
Ala Leu Asn Arg Arg Ile Gln Leu Val Glu Glu Glu Leu Asp Arg Ala
55 60 65

cag gaa cga ctg gcc acg gcc ctg cag aag ctg gag gag gca gaa aaa 296

Gln	Glu	Arg	Leu	Ala	Thr	Ala	Leu	Gln	Lys	Leu	Glu	Glu	Ala	Glu	Lys		
			70					75					80				
gct	gca	gat	gag	agt	gag	aga	gga	atg	aag	gtg	ata	gaa	aac	cgg	gcc	344	
Ala	Ala	Asp	Glu	Ser	Glu	Arg	Gly	Met	Lys	Val	Ile	Glu	Asn	Arg	Ala		
			85					90					95				
atg	aag	gat	gag	gag	aag	atg	gag	att	cag	gag	atg	cag	ctc	aaa	gag	392	
Met	Lys	Asp	Glu	Glu	Lys	Met	Glu	Ile	Gln	Glu	Met	Gln	Leu	Lys	Glu		
100						105						110					
gcc	aag	cac	att	gcg	gaa	gag	gct	gac	cgc	aaa	tac	gag	gag	gta	gct	440	
Ala	Lys	His	Ile	Ala	Glu	Glu	Ala	Asp	Arg	Lys	Tyr	Glu	Glu	Val	Ala		
115				120						125						130	
cgt	aag	ctg	gtc	atc	ctg	gag	ggc	gag	ctg	gag	agg	gca	gag	gag	cgt	488	
Arg	Lys	Leu	Val	Ile	Leu	Glu	Gly	Glu	Leu	Glu	Arg	Ala	Glu	Glu	Arg		
			135						140						145		
gcg	gag	gtg	tct	gaa	cta	aaa	tgt	ggc	gac	ctg	gaa	gaa	gaa	ctc	aag	536	
Ala	Glu	Val	Ser	Glu	Leu	Lys	Cys	Gly	Asp	Leu	Glu	Glu	Glu	Leu	Lys		
			150						155						160		
aat	gtt	act	aac	aat	ctg	aaa	tct	ctg	gag	gct	gca	tct	gaa	aag	tat	584	
Asn	Val	Thr	Asn	Asn	Leu	Lys	Ser	Leu	Glu	Ala	Ala	Ser	Glu	Lys	Tyr		
165						170						175					
tct	gaa	aag	gag	gac	aaa	tat	gaa	gaa	gaa	att	aaa	ctt	ctg	tct	gac	632	
Ser	Glu	Lys	Glu	Asp	Lys	Tyr	Glu	Glu	Glu	Ile	Lys	Leu	Leu	Ser	Asp		
180						185						190					
aaa	ctg	aaa	gag	gct	gag	acc	cgt	gct	gaa	ttt	gca	gag	aga	acg	gtt	680	
Lys	Leu	Lys	Glu	Ala	Glu	Thr	Arg	Ala	Glu	Phe	Ala	Glu	Arg	Thr	Val		
195				200						205						210	
gca	aaa	ctg	gaa	aag	aca	att	gat	gac	ctg	gaa	gag	aaa	ctt	gcc	cag	728	
Ala	Lys	Leu	Glu	Lys	Thr	Ile	Asp	Asp	Leu	Glu	Glu	Lys	Leu	Ala	Gln		
			215						220						225		
gcc	aaa	gaa	gag	aac	gtg	ggc	tta	cat	cag	aca	ctg	gat	cag	aca	cta	776	
Ala	Lys	Glu	Glu	Asn	Val	Gly	Leu	His	Gln	Thr	Leu	Asp	Gln	Thr	Leu		
			230						235						240		
aac	gaa	ctt	aac	tgt	ata	taa	gc	aaaacaga	agag	tctt	gt	tcca	acagaa			827	
Asn	Glu	Leu	Asn	Cys	Ile												
245																	
actctggagc tccgtgggtc tttctcttct cttgtaagaa gttccttttg ttattgccat																887	
cttcgcctttg ctggaaatgt caagcaaatt atgaatacat gaccaaatat tttgtatcgg																947	

```

agaagctttg agcaccagtt aaatctcatt ccttcccttt tttttttcaaa tggcaccagc 1007
ttttttcagct ctcttatttt ttccttaagt agcatTTatt cctaaggtag gcagggtatt 1067
tcctagtaag catactttct taagacggag gccatttggg tcctggggaga ataggcagcc 1127
ccacactttg aagaatacag accccagtat ctagtcgtgg atataattaa aacgctgaag 1187
accataaacct tttgggtcaa ctgttgggtca aactatagga gagaccaggg accatcacat 1247
gggtagggat tttccatcca gagccaataa aaggactggg gggggccggg ggtggctatt 1307
gtgggaagtc ataaccacaa gatagatcaa cctaagaatc ctggcccttc tccactctcc 1367
accatgcagg aaaaacatct tctcaagcag tcaacgtaga atgcttggga aatagtcata 1427
attaccacaa tatagtaatt aatagatggg aattaattga tccttgatgt gatgttcttt 1487
tgcatatttc ctctattcta aagttgttcc ctggccggga gcgtttgctt tcgctgtaa 1547
tcccaacact ttgggaggcc aggacagatc acttgaggtc aggagttcga gaccagccca 1607
gccaaacatgg cgaaaccatg tctctactaa aaatacaaaa attatgggtga cgcctgcctg 1667
tagtcccagc tactcgggag gctgaggcag gaggatcgct tgaaccagga aagtggagac 1727
tgcagtgagc cgatatcgca ccacagegct ccagcctggg cgacagagtg agactccatc 1787
tcaagaaaaa ataaaaataa agttgttctc tgaagagcaa atgtctcatt ccagtaatga 1847
cccactcagc aggaatatgg tggagttcag tccaattcag gtcagccata tccaaaagac 1907
cacaagtcac tactaagttg agcaaaaagag tttttatcta ttagcagaaa gggcctctct 1967
ggcagcagag attaaaaact ggcccaactt catttccata cttcagggaa cagcaaatg 2027
aggatttact tatctaggac tt 2049

```

```

<210> 4
<211> 248
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 4

```

```

Met Ala Gly Leu Asn Ser Leu Glu Ala Val Lys Arg Lys Ile Gln Ala
1          5          10          15

```

Leu Gln Gln Gln Ala Asp Glu Ala Glu Asp Arg Ala Gln Gly Leu Gln
20 25 30

Arg Glu Leu Asp Gly Glu Arg Glu Arg Arg Glu Lys Ala Glu Gly Asp
35 40 45

Val Ala Ala Leu Asn Arg Arg Ile Gln Leu Val Glu Glu Glu Leu Asp
50 55 60

Arg Ala Gln Glu Arg Leu Ala Thr Ala Leu Gln Lys Leu Glu Glu Ala
65 70 75 80

Glu Lys Ala Ala Asp Glu Ser Glu Arg Gly Met Lys Val Ile Glu Asn
85 90 95

Arg Ala Met Lys Asp Glu Glu Lys Met Glu Ile Gln Glu Met Gln Leu
100 105 110

Lys Glu Ala Lys His Ile Ala Glu Glu Ala Asp Arg Lys Tyr Glu Glu
115 120 125

Val Ala Arg Lys Leu Val Ile Leu Glu Gly Glu Leu Glu Arg Ala Glu
130 135 140

Glu Arg Ala Glu Val Ser Glu Leu Lys Cys Gly Asp Leu Glu Glu Glu
145 150 155 160

Leu Lys Asn Val Thr Asn Asn Leu Lys Ser Leu Glu Ala Ala Ser Glu
165 170 175

Lys Tyr Ser Glu Lys Glu Asp Lys Tyr Glu Glu Glu Ile Lys Leu Leu
180 185 190

Ser Asp Lys Leu Lys Glu Ala Glu Thr Arg Ala Glu Phe Ala Glu Arg
195 200 205

Thr Val Ala Lys Leu Glu Lys Thr Ile Asp Asp Leu Glu Glu Lys Leu

210

215

220

Ala Gln Ala Lys Glu Glu Asn Val Gly Leu His Gln Thr Leu Asp Gln

225230235240

Thr Leu Asn Glu Leu Asn Cys Ile

245

<210> 5

<211> 2251

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (154)..(1533)

<223>

<400> 5

gccgcgtgca gaggtgctca agcctcctcg cggtcctgcag tcagtgccgc cgcgccccggc60

ctccccgcacg ccccgaggt agcgcccccg cccgcggccc agagtgcgct cgcgccccgca120

ccagctcccg gataaacggc gcgccgcgcg gag atg aca gcc gag gag atg aag174

Met Thr Ala Glu Glu Met Lys

15

gcg acc gag agc ggg gcg cag tcg gcg ccg ctg ccc atg gag gga gtg222

Ala Thr Glu Ser Gly Ala Gln Ser Ala Pro Leu Pro Met Glu Gly Val

101520

gac atc agc ccc aaa cag gac gaa ggc gtg ctg aag gtc atc aag aga270

Asp Ile Ser Pro Lys Gln Asp Glu Gly Val Leu Lys Val Ile Lys Arg

253035

gag ggc aca ggt aca gag atg ccc atg att ggg gac cga gtc ttt gtc318

Glu Gly Thr Gly Thr Glu Met Pro Met Ile Gly Asp Arg Val Phe Val

40455055

cac tac act ggc tgg cta tta gat ggc aca aag ttt gac tcc agt ctg366

His Tyr Thr Gly Trp Leu Leu Asp Gly Thr Lys Phe Asp Ser Ser Leu

606570

gat cgc aag gac aaa ttc tcc ttt gac ctg gga aaa ggg gag gtc atc414

Asp Arg Lys Asp Lys Phe Ser Phe Asp Leu Gly Lys Gly Glu Val Ile

758085

a a g	g c t	t g g	g a c	a t t	g c c	a t a	g c c	a c c	a t g	a a g	g t g	g g g	g a g	g t g	t g c	462
L y s	A l a	T r p	A s p	I l e	A l a	I l e	A l a	T h r	M e t	L y s	V a l	G l y	G l u	V a l	C y s	
		90					95					100				
c a c	a t c	a c c	t g c	a a a	c c a	g a a	t a t	g c c	t a c	g g t	t c a	g c a	g g c	a g t	c c t	510
H i s	I l e	T h r	C y s	L y s	P r o	G l u	T y r	A l a	T y r	G l y	S e r	A l a	G l y	S e r	P r o	
	105					110					115					
c c a	a a g	a t t	c c c	c c c	a a t	g c c	a c g	c t t	g t a	t t t	g a g	g t g	g a g	t t g	t t t	558
P r o	L y s	I l e	P r o	P r o	A s n	A l a	T h r	L e u	V a l	P h e	G l u	V a l	G l u	L e u	P h e	
120					125					130					135	
g a g	t t t	a a g	g g a	g a a	g a t	c t g	a c g	g a a	g a g	g a a	g a t	g g c	g g a	a t c	a t t	606
G l u	P h e	L y s	G l y	G l u	A s p	L e u	T h r	G l u	G l u	G l u	A s p	G l y	G l y	I l e	I l e	
				140					145					150		
c g c	a g a	a t a	c a g	a c t	c g c	g g t	g a a	g g c	t a t	g c t	a a g	c c c	a a t	g a g	g g t	654
A r g	A r g	I l e	G l n	T h r	A r g	G l y	G l u	G l y	T y r	A l a	L y s	P r o	A s n	G l u	G l y	
			155					160					165			
g c t	a t c	g t g	g a g	g t t	g c a	c t g	g a a	g g g	t a c	t a c	a a g	g a c	a a g	c t c	t t t	702
A l a	I l e	V a l	G l u	V a l	A l a	L e u	G l u	G l y	T y r	T y r	L y s	A s p	L y s	L e u	P h e	
		170					175					180				
g a c	c a g	c g g	g a g	c t c	c g c	t t t	g a g	a t t	g g c	g a g	g g g	g a g	a a c	c t g	g a t	750
A s p	G l n	A r g	G l u	L e u	A r g	P h e	G l u	I l e	G l y	G l u	G l y	G l u	A s n	L e u	A s p	
	185					190					195					
c t g	c c t	t a t	g g t	c t g	g a g	a g g	g c c	a t t	c a g	c g c	a t g	g a g	a a a	g g a	g a a	798
L e u	P r o	T y r	G l y	L e u	G l u	A r g	A l a	I l e	G l n	A r g	M e t	G l u	L y s	G l y	G l u	
200					205					210					215	
c a t	t c c	a t c	g t g	t a c	c t c	a a g	c c c	a g c	t a t	g c t	t t t	g g c	a g t	g t t	g g g	846
H i s	S e r	I l e	V a l	T y r	L e u	L y s	P r o	S e r	T y r	A l a	P h e	G l y	S e r	V a l	G l y	
				220					225					230		
a a g	g a a	a a g	t t c	c a a	a t c	c c a	c c a	a a t	g c t	g a g	c t g	a a a	t a t	g a a	t t a	894
L y s	G l u	L y s	P h e	G l n	I l e	P r o	P r o	A s n	A l a	G l u	L e u	L y s	T y r	G l u	L e u	
			235					240					245			
c a c	c t c	a a g	a g t	t t t	g a a	a a g	g c c	a a g	g a g	t c t	t g g	g a g	a t g	a a t	t c a	942
H i s	L e u	L y s	S e r	P h e	G l u	L y s	A l a	L y s	G l u	S e r	T r p	G l u	M e t	A s n	S e r	
		250					255					260				
g a a	g a g	a a g	c t g	g a a	c a g	a g c	a c c	a t a	g t g	a a a	g a g	c g g	g g c	a c t	g t g	990
G l u	G l u	L y s	L e u	G l u	G l n	S e r	T h r	I l e	V a l	L y s	G l u	A r g	G l y	T h r	V a l	
	265					270					275					
t a c	t t c	a a g	g a a	g g t	a a a	t a c	a a g	c a a	g c t	t t a	c t a	c a g	t a t	a a g	a a g	1038
T y r	P h e	L y s	G l u	G l y	L y s	T y r	L y s	G l n	A l a	L e u	L e u	G l n	T y r	L y s	L y s	

280		285		290		295	
atc gtg tct tgg ctg gaa tat gag tct agt ttt tcc aat gag gaa gca	1086						
Ile Val Ser Trp Leu Glu Tyr Glu Ser Ser Phe Ser Asn Glu Glu Ala							
		300		305		310	
cag aaa gca cag gcc ctt cga ctg gcc tct cac ctc aac ctg gcc atg	1134						
Gln Lys Ala Gln Ala Leu Arg Leu Ala Ser His Leu Asn Leu Ala Met							
		315		320		325	
tgt cat ctg aaa cta cag gcc ttc tct gct gcc att gaa agc tgt aac	1182						
Cys His Leu Lys Leu Gln Ala Phe Ser Ala Ala Ile Glu Ser Cys Asn							
		330		335		340	
aag gcc cta gaa ctg gac agc aac aac gag aag ggc ctc ttc cgc cgg	1230						
Lys Ala Leu Glu Leu Asp Ser Asn Asn Glu Lys Gly Leu Phe Arg Arg							
		345		350		355	
gga gag gcc cac ctg gcc gtg aat gac ttt gaa ctg gca cgg gct gat	1278						
Gly Glu Ala His Leu Ala Val Asn Asp Phe Glu Leu Ala Arg Ala Asp							
360		365		370		375	
ttc cag aag gtc ctg cag ctc tac ccc aac aac aaa gcc gcc aag acc	1326						
Phe Gln Lys Val Leu Gln Leu Tyr Pro Asn Asn Lys Ala Ala Lys Thr							
		380		385		390	
cag ctg gct gtg tgc cag cag cgg atc cga agg cag ctt gcc cgg gag	1374						
Gln Leu Ala Val Cys Gln Gln Arg Ile Arg Arg Gln Leu Ala Arg Glu							
		395		400		405	
aag aag ctc tat gcc aat atg ttt gag agg ctg gct gag gag gag aac	1422						
Lys Lys Leu Tyr Ala Asn Met Phe Glu Arg Leu Ala Glu Glu Glu Asn							
		410		415		420	
aag gcc aag gca gag gct tcc tca gga gac cat ccc act gac aca gag	1470						
Lys Ala Lys Ala Glu Ala Ser Ser Gly Asp His Pro Thr Asp Thr Glu							
		425		430		435	
atg aag gag gag cag aag agc aac acg gca ggg agc cag tct cag gtg	1518						
Met Lys Glu Glu Gln Lys Ser Asn Thr Ala Gly Ser Gln Ser Gln Val							
440		445		450		455	
gag aca gaa gca tag cccctctcca ccagccctac tcctgcggct gcctgcccc							1573
Glu Thr Glu Ala							
cagtcctccc actccaccct gttagttttg taaaaactga agaattttga gtgaattaga							1633
cctttatttt tctatctggg tggatgggtgg ctttagggga aggggggaaag gtgtaggctg							1693

ggggattgag gtgggggaatc atttttagctg gtgtcagccc ctcttccctt cctccattgc 1753
acatgaacat atgtccatcc atatatattc atcagaatgt taatttatftt tgctccctct 1813
gttaggtcca ttttctaagg gtagaagagg caagtggtag ggatgaggtc tgataagaac 1873
ccaggggtgga gagggagact cctgggcagc cgttttctct atcctttccc tctcccagtc 1933
cattttccaaa tgtggcctcc atgtgggtgc tagggacatg ggaaaaacca ctgctatgcc 1993
atttcttctc tctgttccct tccctacccc cgacgggtgtg gctgatgatg tcttctgggtg 2053
tcatggtgac cccccctgt tccctgttct ggtatttccc ctgtcagttt cccctctcgg 2113
ccaggttggtg tcccaaaaatc ccttcagcct cttctctgca cgttgctgaa ggtccaggct 2173
tgccctcaagt tccatgcttg agcaataaag tggaaacaat aaaaacctggg tgtcagacaa 2233
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2251

<210> 6
<211> 459
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 6

Met Thr Ala Glu Glu Met Lys Ala Thr Glu Ser Gly Ala Gln Ser Ala
1 5 10 15

Pro Leu Pro Met Glu Gly Val Asp Ile Ser Pro Lys Gln Asp Glu Gly
20 25 30

Val Leu Lys Val Ile Lys Arg Glu Gly Thr Gly Thr Glu Met Pro Met
35 40 45

Ile Gly Asp Arg Val Phe Val His Tyr Thr Gly Trp Leu Leu Asp Gly
50 55 60

Thr Lys Phe Asp Ser Ser Leu Asp Arg Lys Asp Lys Phe Ser Phe Asp
65 70 75 80

Leu Gly Lys Gly Glu Val Ile Lys Ala Trp Asp Ile Ala Ile Ala Thr
85 90 95

Met	Lys	Val	Gly	Glu	Val	Cys	His	Ile	Thr	Cys	Lys	Pro	Glu	Tyr	Ala
			100					105					110		
Tyr	Gly	Ser	Ala	Gly	Ser	Pro	Pro	Lys	Ile	Pro	Pro	Asn	Ala	Thr	Leu
		115					120					125			
Val	Phe	Glu	Val	Glu	Leu	Phe	Glu	Phe	Lys	Gly	Glu	Asp	Leu	Thr	Glu
	130					135					140				
Glu	Glu	Asp	Gly	Gly	Ile	Ile	Arg	Arg	Ile	Gln	Thr	Arg	Gly	Glu	Gly
145					150					155					160
Tyr	Ala	Lys	Pro	Asn	Glu	Gly	Ala	Ile	Val	Glu	Val	Ala	Leu	Glu	Gly
				165					170					175	
Tyr	Tyr	Lys	Asp	Lys	Leu	Phe	Asp	Gln	Arg	Glu	Leu	Arg	Phe	Glu	Ile
			180					185					190		
Gly	Glu	Gly	Glu	Asn	Leu	Asp	Leu	Pro	Tyr	Gly	Leu	Glu	Arg	Ala	Ile
		195					200					205			
Gln	Arg	Met	Glu	Lys	Gly	Glu	His	Ser	Ile	Val	Tyr	Leu	Lys	Pro	Ser
	210					215					220				
Tyr	Ala	Phe	Gly	Ser	Val	Gly	Lys	Glu	Lys	Phe	Gln	Ile	Pro	Pro	Asn
225					230					235					240
Ala	Glu	Leu	Lys	Tyr	Glu	Leu	His	Leu	Lys	Ser	Phe	Glu	Lys	Ala	Lys
				245					250					255	
Glu	Ser	Trp	Glu	Met	Asn	Ser	Glu	Glu	Lys	Leu	Glu	Gln	Ser	Thr	Ile
			260					265					270		
Val	Lys	Glu	Arg	Gly	Thr	Val	Tyr	Phe	Lys	Glu	Gly	Lys	Tyr	Lys	Gln
		275					280					285			

Ala	Leu	Leu	Gln	Tyr	Lys	Lys	Ile	Val	Ser	Trp	Leu	Glu	Tyr	Glu	Ser
290			295			300									
Ser	Phe	Ser	Asn	Glu	Glu	Ala	Gln	Lys	Ala	Gln	Ala	Leu	Arg	Leu	Ala
305			310			315			320						
Ser	His	Leu	Asn	Leu	Ala	Met	Cys	His	Leu	Lys	Leu	Gln	Ala	Phe	Ser
			325			330						335			
Ala	Ala	Ile	Glu	Ser	Cys	Asn	Lys	Ala	Leu	Glu	Leu	Asp	Ser	Asn	Asn
			340			345						350			
Glu	Lys	Gly	Leu	Phe	Arg	Arg	Gly	Glu	Ala	His	Leu	Ala	Val	Asn	Asp
			355			360						365			
Phe	Glu	Leu	Ala	Arg	Ala	Asp	Phe	Gln	Lys	Val	Leu	Gln	Leu	Tyr	Pro
370			375			380									
Asn	Asn	Lys	Ala	Ala	Lys	Thr	Gln	Leu	Ala	Val	Cys	Gln	Gln	Arg	Ile
385			390			395			400						
Arg	Arg	Gln	Leu	Ala	Arg	Glu	Lys	Lys	Leu	Tyr	Ala	Asn	Met	Phe	Glu
			405			410						415			
Arg	Leu	Ala	Glu	Glu	Glu	Asn	Lys	Ala	Lys	Ala	Glu	Ala	Ser	Ser	Gly
			420			425						430			
Asp	His	Pro	Thr	Asp	Thr	Glu	Met	Lys	Glu	Glu	Gln	Lys	Ser	Asn	Thr
435			440			445									
Ala	Gly	Ser	Gln	Ser	Gln	Val	Glu	Thr	Glu	Ala					
450			455												

<210> 7
<211> 2562
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (56)..(1651)

<223>

<400> 7

g c c g c g c c g g c t c t g g g c a c t c a g c a t c g t t t c c t t t t c c t c c g c t g g a g c a g c t a t g

Met

1

58

g c g g c g g t g a a g a c c c t g a a c c c c a a g g c c g a g g t g g c c c g a g c g c a g

Ala Ala Val Lys Thr Leu Asn Pro Lys Ala Glu Val Ala Arg Ala Gln

51015

106

g c g g c g c t g g c g g t c a a c a t c a g c g c a g c g c g g g g t c t g c a g g a c g t g

Ala Ala Leu Ala Val Asn Ile Ser Ala Ala Arg Gly Leu Gln Asp Val

202530

154

c t a a g g a c c a a c c t g g g g c c c a a g g g c a c c a t g a a g a t g c t c g t t t c t

Leu Arg Thr Asn Leu Gly Pro Lys Gly Thr Met Lys Met Leu Val Ser

354045

202

g g c g c t g g a g a c a t c a a a c t t a c t a a a g a c g g c a a t g t g c t g c t t c a c

Gly Ala Gly Asp Ile Lys Leu Thr Lys Asp Gly Asn Val Leu Leu His

50556065

250

g a a a t g c a a a t t c a a c a c c c a a c a g c t t c c t t a a t a g c a a a g g t a g c a

Glu Met Gln Ile Gln His Pro Thr Ala Ser Leu Ile Ala Lys Val Ala

707580

298

a c a g c c c a g g a t g a t a t a a c t g g t g a t g g t a c g a c t t c t a a t g t c c t a

Thr Ala Gln Asp Asp Ile Thr Gly Asp Gly Thr Thr Ser Asn Val Leu

859095

346

a t c a t t g g a g a g c t g c t g a a a c a g g c g g a t c t c t a c a t t t c t g a a g g c

Ile Ile Gly Glu Leu Leu Lys Gln Ala Asp Leu Tyr Ile Ser Glu Gly

100105110

394

c t t c a t c c t a g a a t a a t c a c t g a a g g a t t t g a a g c t g c a a a g g a a a g

Leu His Pro Arg Ile Ile Thr Glu Gly Phe Glu Ala Ala Lys Glu Lys

115120125

442

g c c c t t c a g t t t t t g g a a g a a g t c a a a g t a a g c a g a g a g a t g g a c a g g

Ala Leu Gln Phe Leu Glu Glu Val Lys Val Ser Arg Glu Met Asp Arg

130135140145

490

g a a a c a c t t a t a g a t g t g g c c a g a a c a t c t t c g t a c t a a a g t t c a t

Glu Thr Leu Ile Asp Val Ala Arg Thr Ser Leu Arg Thr Lys Val His

150155160

538

g c t g a a c t t g c a g a t g t c t t a a c a g a g g c t g t a g t g g a c t c c a t t t t g

586

Ala	Glu	Leu	Ala	Asp	Val	Leu	Thr	Glu	Ala	Val	Val	Asp	Ser	Ile	Leu	
			165					170					175			
gcc	att	aaa	aag	caa	gat	gaa	cct	att	gat	ctc	ttc	atg	att	gag	atc	634
Ala	Ile	Lys	Lys	Gln	Asp	Glu	Pro	Ile	Asp	Leu	Phe	Met	Ile	Glu	Ile	
		180					185					190				
atg	gag	atg	aaa	cat	aaa	tct	gaa	act	gat	aca	agc	tta	atc	aga	ggg	682
Met	Glu	Met	Lys	His	Lys	Ser	Glu	Thr	Asp	Thr	Ser	Leu	Ile	Arg	Gly	
	195					200					205					
ctt	gtt	ttg	gac	cac	gga	gca	cgg	cat	cct	gat	atg	aag	aaa	agg	gtg	730
Leu	Val	Leu	Asp	His	Gly	Ala	Arg	His	Pro	Asp	Met	Lys	Lys	Arg	Val	
210					215					220					225	
gag	gat	gca	tac	atc	ctc	act	tgt	aac	gtg	tca	tta	gag	tat	gag	aaa	778
Glu	Asp	Ala	Tyr	Ile	Leu	Thr	Cys	Asn	Val	Ser	Leu	Glu	Tyr	Glu	Lys	
			230						235					240		
aca	gaa	gtg	aat	tct	ggc	ttt	ttt	tac	aag	agt	gca	gaa	gag	aga	gaa	826
Thr	Glu	Val	Asn	Ser	Gly	Phe	Phe	Tyr	Lys	Ser	Ala	Glu	Glu	Arg	Glu	
			245					250					255			
aaa	ctc	gtg	aaa	gct	gaa	aga	aaa	ttc	att	gaa	gat	agg	gtt	aaa	aaa	874
Lys	Leu	Val	Lys	Ala	Glu	Arg	Lys	Phe	Ile	Glu	Asp	Arg	Val	Lys	Lys	
		260					265					270				
ata	ata	gaa	ctg	aaa	agg	aaa	gtc	tgt	ggc	gat	tca	gat	aaa	gga	ttt	922
Ile	Ile	Glu	Leu	Lys	Arg	Lys	Val	Cys	Gly	Asp	Ser	Asp	Lys	Gly	Phe	
	275					280					285					
gtt	gtt	att	aat	caa	aag	gga	att	gac	ccc	ttt	tcc	tta	gat	gct	ctt	970
Val	Val	Ile	Asn	Gln	Lys	Gly	Ile	Asp	Pro	Phe	Ser	Leu	Asp	Ala	Leu	
290					295				300						305	
tca	aaa	gaa	ggc	ata	gtc	gct	ctg	cgc	aga	gct	aaa	agg	aga	aat	atg	1018
Ser	Lys	Glu	Gly	Ile	Val	Ala	Leu	Arg	Arg	Ala	Lys	Arg	Arg	Asn	Met	
			310						315					320		
gag	agg	ctg	act	ctt	gct	tgt	ggg	gta	gcc	ctg	aat	tct	ttt	gac		1066
Glu	Arg	Leu	Thr	Leu	Ala	Cys	Gly	Gly	Val	Ala	Leu	Asn	Ser	Phe	Asp	
			325				330					335				
gac	cta	agt	cct	gac	tgc	ttg	gga	cat	gca	gga	ctt	gta	tat	gag	tat	1114
Asp	Leu	Ser	Pro	Asp	Cys	Leu	Gly	His	Ala	Gly	Leu	Val	Tyr	Glu	Tyr	
		340				345						350				
aca	ttg	gga	gaa	gag	aag	ttt	acc	ttt	att	gag	aaa	tgt	aac	aac	cct	1162
Thr	Leu	Gly	Glu	Glu	Lys	Phe	Thr	Phe	Ile	Glu	Lys	Cys	Asn	Asn	Pro	
	355					360					365					

[illegible]

gtgaacagga tgttttgctt tagcagcagt gacataaaat tccatgttag ataagcatat 1931
gttacttacc ttgttattaa atatttcttg aaaagcaaat tttaatgggt aatttttatgt 1991
ggacgtatgt taaattatcc aaactaccct attgttaagc atttggtttt aaaatttttta 2051
tgctaataata aatgctcaag taattttaaaa tattgaaagc atccctgttg gtataaattt 2111
ctgagtaaat gcatatggatc agttggactt tgaacgccct ttgaaatggc tttgctaaaa 2171
tgctcccgcc acaaagtgtt aggaaatggg aagaggagtc aactagaggc aagggaagttg 2231
agagagctgc aactgtaaag ggcaagaaca ggcagaggta aaaagatgat ggaagggtgtg 2291
gtgactaagg gccacggtta ttgggtgaaa tttgagatgt aggccaaactg tatttttcaag 2351
cttctgaact taaggcaaaa tattcatcgc aaagtctcta gcgtcatatt tttctcacc 2411
aaattacgtt tccacgagtt attatatata gttgggtctat ctctgcagtc cttgaagggtg 2471
aagttgtgtg ttactaggct gtgttttggg atgtcagcag tggcctgaag tgagttgtgc 2531
aataaatgtt aagttgaaac ctcaaaaaaaaa a 2562

<210> 8
<211> 531
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 8

Met Ala Ala Val Lys Thr Leu Asn Pro Lys Ala Glu Val Ala Arg Ala
1 5 10 15

Gln Ala Ala Leu Ala Val Asn Ile Ser Ala Ala Arg Gly Leu Gln Asp
20 25 30

Val Leu Arg Thr Asn Leu Gly Pro Lys Gly Thr Met Lys Met Leu Val
35 40 45

Ser Gly Ala Gly Asp Ile Lys Leu Thr Lys Asp Gly Asn Val Leu Leu
50 55 60

His Glu Met Gln Ile Gln His Pro Thr Ala Ser Leu Ile Ala Lys Val

65					70					75					80
Ala	Thr	Ala	Gln	Asp	Asp	Ile	Thr	Gly	Asp	Gly	Thr	Thr	Ser	Asn	Val
				85					90					95	
Leu	Ile	Ile	Gly	Glu	Leu	Leu	Lys	Gln	Ala	Asp	Leu	Tyr	Ile	Ser	Glu
			100					105					110		
Gly	Leu	His	Pro	Arg	Ile	Ile	Thr	Glu	Gly	Phe	Glu	Ala	Ala	Lys	Glu
		115					120					125			
Lys	Ala	Leu	Gln	Phe	Leu	Glu	Glu	Val	Lys	Val	Ser	Arg	Glu	Met	Asp
	130					135					140				
Arg	Glu	Thr	Leu	Ile	Asp	Val	Ala	Arg	Thr	Ser	Leu	Arg	Thr	Lys	Val
145					150					155					160
His	Ala	Glu	Leu	Ala	Asp	Val	Leu	Thr	Glu	Ala	Val	Val	Asp	Ser	Ile
				165					170					175	
Leu	Ala	Ile	Lys	Lys	Gln	Asp	Glu	Pro	Ile	Asp	Leu	Phe	Met	Ile	Glu
			180					185					190		
Ile	Met	Glu	Met	Lys	His	Lys	Ser	Glu	Thr	Asp	Thr	Ser	Leu	Ile	Arg
		195					200					205			
Gly	Leu	Val	Leu	Asp	His	Gly	Ala	Arg	His	Pro	Asp	Met	Lys	Lys	Arg
	210					215					220				
Val	Glu	Asp	Ala	Tyr	Ile	Leu	Thr	Cys	Asn	Val	Ser	Leu	Glu	Tyr	Glu
225					230					235					240
Lys	Thr	Glu	Val	Asn	Ser	Gly	Phe	Phe	Tyr	Lys	Ser	Ala	Glu	Glu	Arg
				245					250					255	
Glu	Lys	Leu	Val	Lys	Ala	Glu	Arg	Lys	Phe	Ile	Glu	Asp	Arg	Val	Lys
		260						265					270		

Lys	Ile	Ile	Glu	Leu	Lys	Arg	Lys	Val	Cys	Gly	Asp	Ser	Asp	Lys	Gly
		275					280					285			

Phe	Val	Val	Ile	Asn	Gln	Lys	Gly	Ile	Asp	Pro	Phe	Ser	Leu	Asp	Ala
	290					295					300				

Leu	Ser	Lys	Glu	Gly	Ile	Val	Ala	Leu	Arg	Arg	Ala	Lys	Arg	Arg	Asn
305					310					315					320

Met	Glu	Arg	Leu	Thr	Leu	Ala	Cys	Gly	Gly	Val	Ala	Leu	Asn	Ser	Phe
				325					330					335	

Asp	Asp	Leu	Ser	Pro	Asp	Cys	Leu	Gly	His	Ala	Gly	Leu	Val	Tyr	Glu
		340						345					350		

Tyr	Thr	Leu	Gly	Glu	Glu	Lys	Phe	Thr	Phe	Ile	Glu	Lys	Cys	Asn	Asn
		355					360					365			

Pro	Arg	Ser	Val	Thr	Leu	Leu	Ile	Lys	Gly	Pro	Asn	Lys	His	Thr	Leu
	370					375					380				

Thr	Gln	Ile	Lys	Asp	Ala	Val	Arg	Asp	Gly	Leu	Arg	Ala	Val	Lys	Asn
385					390					395					400

Ala	Ile	Asp	Asp	Gly	Cys	Val	Val	Pro	Gly	Ala	Gly	Ala	Val	Glu	Val
				405					410					415	

Ala	Met	Ala	Glu	Ala	Leu	Ile	Lys	His	Lys	Pro	Ser	Val	Lys	Gly	Arg
			420					425					430		

Ala	Gln	Leu	Gly	Val	Gln	Ala	Phe	Ala	Asp	Ala	Leu	Leu	Ile	Ile	Pro
		435					440					445			

Lys	Val	Leu	Ala	Gln	Asn	Ser	Gly	Phe	Asp	Leu	Gln	Glu	Thr	Leu	Val
	450					455					460				

Lys	Ile	Gln	Ala	Glu	His	Ser	Glu	Ser	Gly	Gln	Leu	Val	Gly	Val	Asp
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

465 470 475 480

Leu Asn Thr Gly Glu Pro Met Val Ala Ala Glu Val Gly Val Trp Asp
485 490 495

Asn Tyr Cys Val Lys Lys Gln Leu Leu His Ser Cys Thr Val Ile Ala
500 505 510

Thr Asn Ile Leu Leu Val Asp Glu Ile Met Arg Ala Gly Met Ser Ser
515 520 525

Leu Lys Gly
530

<210> 9
<211> 2208
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (230)..(1486)
<223>

<400> 9
tcttttg gctt ttttttg gcgg agctgggggcg cccctccggaa gcgtttccaa ctttccagaa 60
gtttctcggg acgggcagga ggggggtgggg actgccatat atagatcccg ggagcagggg 120
agcggggctaa gagtagaatc gtgtcgcgggc tcgagagcga gagtcaacgtc ccggcgctag 180
cccagccccga cccaggcccca ccgtggtgca cgcaaaccac ttcctggcc atg cgc tcc 238
Met Arg Ser
1

ctc ctg ctt ctc agc gcc ttc tgc ctc ctg gag gcg gcc ctg gcc gcc 286
Leu Leu Leu Leu Ser Ala Phe Cys Leu Leu Glu Ala Ala Leu Ala Ala
5 10 15

gag gtg aag aaa cct gca gcc gca gca gct cct ggc act gcg gag aag 334
Glu Val Lys Lys Pro Ala Ala Ala Ala Ala Pro Gly Thr Ala Glu Lys
20 25 30 35

ttg agc ccc aag gcg gcc acg ctt gcc gag cgc agc gcc ggc ctg gcc 382
Leu Ser Pro Lys Ala Ala Thr Leu Ala Glu Arg Ser Ala Gly Leu Ala

40				45				50									
t t c	a g c	t t g	t a c	c a g	g c c	a t g	g c c	a a g	g a c	c a g	g c a	g t g	g a g	a a c	a t c	430	
P h e	S e r	L e u	T y r	G l n	A l a	M e t	A l a	L y s	A s p	G l n	A l a	V a l	G l u	A s n	I l e		
55				60				65									
c t g	g t g	t c a	c c c	g t g	g t g	g t g	g c c	t c g	t c g	c t a	g g g	c t c	g t g	t c g	c t g	478	
L e u	V a l	S e r	P r o	V a l	V a l	V a l	A l a	S e r	S e r	L e u	G l y	L e u	V a l	S e r	L e u		
70				75				80									
g g c	g g c	a a g	g c g	a c c	a c g	g c g	t c g	c a g	g c c	a a g	g c a	g t g	c t g	a g c	g c c	526	
G l y	G l y	L y s	A l a	T h r	T h r	A l a	S e r	G l n	A l a	L y s	A l a	V a l	L e u	S e r	A l a		
85				90				95									
g a g	c a g	c t g	c g c	g a c	g a g	g a g	g t g	c a c	g c c	g g c	c t g	g g c	g a g	c t g	c t g	574	
G l u	G l n	L e u	A r g	A s p	G l u	G l u	V a l	H i s	A l a	G l y	L e u	G l y	G l u	L e u	L e u		
100				105				110								115	
c g c	t c a	c t c	a g c	a a c	t c c	a c g	g c g	c g c	a a c	g t g	a c c	t g g	a a g	c t g	g g c	622	
A r g	S e r	L e u	S e r	A s n	S e r	T h r	A l a	A r g	A s n	V a l	T h r	T r p	L y s	L e u	G l y		
120				125				130									
a g c	c g a	c t g	t a c	g g a	c c c	a g c	t c a	g t g	a g c	t t c	g c t	g a t	g a c	t t c	g t g	670	
S e r	A r g	L e u	T y r	G l y	P r o	S e r	S e r	V a l	S e r	P h e	A l a	A s p	A s p	P h e	V a l		
135				140				145									
c g c	a g c	a g c	a a g	c a g	c a c	t a c	a a c	t g c	g a g	c a c	t c c	a a g	a t c	a a c	t t c	718	
A r g	S e r	S e r	L y s	G l n	H i s	T y r	A s n	C y s	G l u	H i s	S e r	L y s	I l e	A s n	P h e		
150				155				160									
c g c	g a c	a a g	c g c	a g c	g c g	c t g	c a g	t c c	a t c	a a c	g a g	t g g	g c c	g c g	c a g	766	
A r g	A s p	L y s	A r g	S e r	A l a	L e u	G l n	S e r	I l e	A s n	G l u	T r p	A l a	A l a	G l n		
165				170				175									
a c c	a c c	g a c	g g c	a a g	c t g	c c c	g a g	g t c	a c c	a a g	g a c	g t g	g a g	c g c	a c g	814	
T h r	T h r	A s p	G l y	L y s	L e u	P r o	G l u	V a l	T h r	L y s	A s p	V a l	G l u	A r g	T h r		
180				185				190								195	
g a c	g g c	g c c	c t g	c t a	g t c	a a c	g c c	a t g	t t c	t t c	a a g	c c a	c a c	t g g	g a t	862	
A s p	G l y	A l a	L e u	L e u	V a l	A s n	A l a	M e t	P h e	P h e	L y s	P r o	H i s	T r p	A s p		
200				205				210									
g a g	a a a	t t c	c a c	c a c	a a g	a t g	g t g	g a c	a a c	c g t	g g c	t t c	a t g	g t g	a c t	910	
G l u	L y s	P h e	H i s	H i s	L y s	M e t	V a l	A s p	A s n	A r g	G l y	P h e	M e t	V a l	T h r		
215				220				225									
c g g	t c c	t a t	a c c	g t g	g g t	g t c	a t g	a t g	a t g	c a c	c g g	a c a	g g c	c t c	t a c	958	
A r g	S e r	T y r	T h r	V a l	G l y	V a l	M e t	M e t	M e t	H i s	A r g	T h r	G l y	L e u	T y r		
230				235				240									

aac tac tac gac gac gag aag gaa aag ctg caa atc gtg gag atg ccc 1006
Asn Tyr Tyr Asp Asp Glu Lys Glu Lys Leu Gln Ile Val Glu Met Pro
 245 250 255

c t g	g c c	c a c	a a g	c t c	t c c	a g c	c t c	a t c	a t c	c t c	a t g	c c c	c a t	c a c	g t g	1054
Leu	Ala	His	Lys	Leu	Ser	Ser	Leu	Ile	Ile	Leu	Met	Pro	His	His	Val	
260					265					270					275	

gag cct ctc gag cgc ctt gaa aag ctg cta acc aaa gag cag ctg aag 1102
Glu Pro Leu Glu Arg Leu Glu Lys Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys
280 285 290

a t c	t g g	a t g	g g g	a a g	a t g	c a g	a a g	a a g	g c t	g t t	g c c	a t c	t c c	t t g	c c c	1150
I l e	T r p	M e t	G l y	L y s	M e t	G l n	L y s	L y s	A l a	V a l	A l a	I l e	S e r	L e u	P r o	
			295					300					305			

a a g g g t g t g g t g g a g g t g a c c c a t g a c c t g c a g a a a c a c c t g g c t g g g 1198
L y s G l y V a l V a l G l u V a l T h r H i s A s p L e u G l n L y s H i s L e u A l a G l y
 310 315 320

c t g g g c c t g a c t g a g g c c a t t g a c a a g a a c a a g g c c g a c t t g t c a c g c 1 2 4 6
Leu Gly Leu Thr Glu Ala Ile Asp Lys Asn Lys Ala Asp Leu Ser Arg
 3 2 5 3 3 0 3 3 5

a t g	t c a	g g c	a a g	a a g	g a c	c t g	t a c	c t g	g c c	a g c	g t g	t t c	c a c	g c c	a c c	1294
Met	Ser	Gly	Lys	Lys	Asp	Leu	Tyr	Leu	Ala	Ser	Val	Phe	His	Ala	Thr	
340					345					350					355	

g c c t t t g a g t t g g a c a c a g a t g g c a a c c c c t t t g a c c a g g a c a t c t a c 1342
Ala Phe Glu Leu Asp Thr Asp Gly Asn Pro Phe Asp Gln Asp Ile Tyr
 360 365 370

g g g c g c g a g g a g c t g c g c a g c c c c a a g c t g t t c t a c g c c g a c c a c c c c 1390
G l y A r g G l u G l u L e u A r g S e r P r o L y s L e u P h e T y r A l a A s p H i s P r o
375 380 385

t t c	a t c	t t c	c t a	g t g	c g g	g a c	a c c	c a a	a g c	g g c	t c c	c t g	c t a	t t c	a t t	1438
P h e	I l e	P h e	L e u	V a l	A r g	A s p	T h r	G l n	S e r	G l y	S e r	L e u	L e u	P h e	I l e	
		390					395					400				

g g g c g c c t g g t c c g g c c t a a g g g t g a c a a g a t g c g a g a c g a g t t a t a g 1486
G l y A r g L e u V a l A r g P r o L y s G l y A s p L y s M e t A r g A s p G l u L e u
405 410 415

g g c c t c a g g g g t g c a c a c a g g g a t g g c a g g a g g c a t c c a a a g g c t c c t g a g a c a c a t g g g t g 1546

c t a t t g g g g t t g g g g g g a g g t g a g g t a c c a g c c t t g g a t a c t c c a t g g g g t g g g g g t g g 1606

a a a a a c a g a c c g g g g g t t c c c g t g t g c c t g a g c g g a c c t t c c c a g c t a g a a t t c a c t c c a c 1666

ttggacatgg gccccagata ccatgatgct gagccccggaa actccacatc ctgtgggacc 1726
tggggccatag tcatctctgcc tgccctgaaa gtcccagatc aagcctgcct caatcagtat 1786
tcataatttat agccagggtac cttctcacct gtgagaccaa attgagctag ggggggtcagc 1846
cagccctcttt ctgacactaa aacacctcag ctgectcccc agctctatcc caacctctcc 1906
caactataaaa actagggtgct gcagccccctg ggaccaggga cccccagaat gacctggccg 1966
cagtgaggcg gattgagaag gagctcccag gaggggcttc tgggcagact ctggtcaaga 2026
agcatcgtgt ctggcgttgt ggggatgaac tttttgtttt gtttcttcct tttttagttc 2086
ttcaaagata gggagggaag ggggaacatg agcctttgtt gctatcaatc caagaactta 2146
tttgtacatt tttttttttca ataaaaacttt tccaatgaca ttttgttgga gcgtggaaaa 2206
aa 2208

<210> 10
<211> 418
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 10

Met Arg Ser Leu Leu Leu Leu Ser Ala Phe Cys Leu Leu Glu Ala Ala
1 5 10 15

Leu Ala Ala Glu Val Lys Lys Pro Ala Ala Ala Ala Ala Pro Gly Thr
20 25 30

Ala Glu Lys Leu Ser Pro Lys Ala Ala Thr Leu Ala Glu Arg Ser Ala
35 40 45

Gly Leu Ala Phe Ser Leu Tyr Gln Ala Met Ala Lys Asp Gln Ala Val
50 55 60

Glu Asn Ile Leu Val Ser Pro Val Val Val Ala Ser Ser Leu Gly Leu
65 70 75 80

Val Ser Leu Gly Gly Lys Ala Thr Thr Ala Ser Gln Ala Lys Ala Val
85 90 95

Leu	Ser	Ala	Glu	Gln	Leu	Arg	Asp	Glu	Glu	Val	His	Ala	Gly	Leu	Gly	
			100					105					110			
Glu	Leu	Leu	Arg	Ser	Leu	Ser	Asn	Ser	Thr	Ala	Arg	Asn	Val	Thr	Trp	
			115					120					125			
Lys	Leu	Gly	Ser	Arg	Leu	Tyr	Gly	Pro	Ser	Ser	Val	Ser	Phe	Ala	Asp	
		130					135					140				
Asp	Phe	Val	Arg	Ser	Ser	Lys	Gln	His	Tyr	Asn	Cys	Glu	His	Ser	Lys	
145					150					155					160	
Ile	Asn	Phe	Arg	Asp	Lys	Arg	Ser	Ala	Leu	Gln	Ser	Ile	Asn	Glu	Trp	
				165					170					175		
Ala	Ala	Gln	Thr	Thr	Asp	Gly	Lys	Leu	Pro	Glu	Val	Thr	Lys	Asp	Val	
			180					185					190			
Glu	Arg	Thr	Asp	Gly	Ala	Leu	Leu	Val	Asn	Ala	Met	Phe	Phe	Lys	Pro	
		195					200					205				
His	Trp	Asp	Glu	Lys	Phe	His	His	Lys	Met	Val	Asp	Asn	Arg	Gly	Phe	
		210					215					220				
Met	Val	Thr	Arg	Ser	Tyr	Thr	Val	Gly	Val	Met	Met	Met	His	Arg	Thr	
225					230					235					240	
Gly	Leu	Tyr	Asn	Tyr	Tyr	Asp	Asp	Glu	Lys	Glu	Lys	Leu	Gln	Ile	Val	
				245					250					255		
Glu	Met	Pro	Leu	Ala	His	Lys	Leu	Ser	Ser	Leu	Ile	Ile	Leu	Met	Pro	
			260					265					270			
His	His	Val	Glu	Pro	Leu	Glu	Arg	Leu	Glu	Lys	Leu	Leu	Thr	Lys	Glu	
		275					280					285				

Gln Leu Lys Ile Trp Met Gly Lys Met Gln Lys Lys Ala Val Ala Ile
290 295 300

Ser Leu Pro Lys Gly Val Val Glu Val Thr His Asp Leu Gln Lys His
305 310 315 320

Leu Ala Gly Leu Gly Leu Thr Glu Ala Ile Asp Lys Asn Lys Ala Asp
325 330 335

Leu Ser Arg Met Ser Gly Lys Lys Asp Leu Tyr Leu Ala Ser Val Phe
340 345 350

His Ala Thr Ala Phe Glu Leu Asp Thr Asp Gly Asn Pro Phe Asp Gln
355 360 365

Asp Ile Tyr Gly Arg Glu Glu Leu Arg Ser Pro Lys Leu Phe Tyr Ala
370 375 380

Asp His Pro Phe Ile Phe Leu Val Arg Asp Thr Gln Ser Gly Ser Leu
385 390 395 400

Leu Phe Ile Gly Arg Leu Val Arg Pro Lys Gly Asp Lys Met Arg Asp
405 410 415

Glu Leu

<210> 11
<211> 1690
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (77)..(1429)
<223>

<400> 11
ggcacgagga aggttttttgc tgcgccaacg cagtgaccga aggctccgct cacgcccggc 60

ctgatacctgc ctgaag atg gtg cca ctg gtg gct gtg gta tca ggg ccc cgt 112

Met Val Pro Leu Val Ala Val Val Ser Gly Pro Arg																
1				5				10								
g c c	c a g	c t c	t t t	g c c	t g c	c t g	c t c	a g g	c t g	g g c	a c t	c a g	c a g	g t c	g g c	160
Ala	Gln	Leu	Phe	Ala	Cys	Leu	Leu	Arg	Leu	Gly	Thr	Gln	Gln	Val	Gly	
15				20				25								
c c c	c t t	c a g	c t g	c a c	a c c	g g g	g c c	a g c	c a t	g c g	g c c	a g g	a a c	c a t	t a t	208
Pro	Leu	Gln	Leu	His	Thr	Gly	Ala	Ser	His	Ala	Ala	Arg	Asn	His	Tyr	
30				35				40								
g a g	g t g	c t g	g t g	c t g	g g t	g g g	g g c	a g t	g g c	g g a	a t c	a c c	a t g	g c t	g c c	256
Glu	Val	Leu	Val	Leu	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Ile	Thr	Met	Ala	Ala	
45				50				55				60				
c g c	a t g	a a g	a g g	a a a	g t g	g g t	g c a	g a g	a a t	g t g	g c c	a t t	g t t	g a g	c c c	304
Arg	Met	Lys	Arg	Lys	Val	Gly	Ala	Glu	Asn	Val	Ala	Ile	Val	Glu	Pro	
65				70				75								
a g t	g a g	a g a	c a t	t t c	t a c	c a g	c c a	a t c	t g g	a c a	c t g	g t g	g g t	g c t	g g t	352
Ser	Glu	Arg	His	Phe	Tyr	Gln	Pro	Ile	Trp	Thr	Leu	Val	Gly	Ala	Gly	
80				85				90								
g c c	a a a	c a a	t t g	t c c	t c a	t c t	g g t	c g t	c c c	a c g	g c a	a g t	g t g	a t t	c c a	400
Ala	Lys	Gln	Leu	Ser	Ser	Ser	Gly	Arg	Pro	Thr	Ala	Ser	Val	Ile	Pro	
95				100				105								
t c t	g g t	g t a	g a a	t g g	a t c	a a a	g c t	a g a	g t g	a c t	g a g	t t g	a a c	c c a	g a c	448
Ser	Gly	Val	Glu	Trp	Ile	Lys	Ala	Arg	Val	Thr	Glu	Leu	Asn	Pro	Asp	
110				115				120								
a a g	a a c	t g c	a t t	c a c	a c a	g a t	g a c	g a c	g a g	a a g	a t c	t c c	t a c	c g a	t a t	496
Lys	Asn	Cys	Ile	His	Thr	Asp	Asp	Asp	Glu	Lys	Ile	Ser	Tyr	Arg	Tyr	
125				130				135				140				
c t t	a t t	a t t	g c t	c t c	g g a	a t c	c a g	c t g	g a c	t a t	g a g	a a g	a t t	a a a	g g c	544
Leu	Ile	Ile	Ala	Leu	Gly	Ile	Gln	Leu	Asp	Tyr	Glu	Lys	Ile	Lys	Gly	
145				150				155								
c t a	c c t	g a a	g g t	t t c	g c t	c a t	c c c	a a a	a t a	g g g	t c g	a a t	t a t	t c a	g t t	592
Leu	Pro	Glu	Gly	Phe	Ala	His	Pro	Lys	Ile	Gly	Ser	Asn	Tyr	Ser	Val	
160				165				170								
a a g	a c t	g t a	g a g	a a g	a c a	t g g	a a a	g c t	c t g	c a g	g a c	t t c	a a a	g a g	g g c	640
Lys	Thr	Val	Glu	Lys	Thr	Trp	Lys	Ala	Leu	Gln	Asp	Phe	Lys	Glu	Gly	
175				180				185								
a a t	g c c	a t c	t t c	a c c	t t c	c c a	a a t	a c t	c c a	g t g	a a g	t g t	g c t	g g a	g c c	688
Asn	Ala	Ile	Phe	Thr	Phe	Pro	Asn	Thr	Pro	Val	Lys	Cys	Ala	Gly	Ala	
190				195				200								

c c t	c a g	a a g	a t c	a t g	t a c	t t a	t c a	g a a	g c c	t a c	t t c	a g g	a a g	a c a	g g g	736
Pro	Gln	Lys	Ile	Met	Tyr	Leu	Ser	Glu	Ala	Tyr	Phe	Arg	Lys	Thr	Gly	
205					210					215					220	
a a g	c g a	t c c	a a g	g c c	a a t	a t c	a t t	t t c	a a c	a c t	t c t	c t t	g g a	g c c	a t t	784
Lys	Arg	Ser	Lys	Ala	Asn	Ile	Ile	Phe	Asn	Thr	Ser	Leu	Gly	Ala	Ile	
				225					230					235		
t t c	g g g	g t t	a a g	a a g	t a t	g c a	g a t	g c c	c t g	c a g	g a g	a t c	a t c	c a g	g a g	832
Phe	Gly	Val	Lys	Lys	Tyr	Ala	Asp	Ala	Leu	Gln	Glu	Ile	Ile	Gln	Glu	
			240					245					250			
c g g	a a c	c t c	a c t	g t t	a a c	t a c	a a g	a a a	a a c	c t c	a t t	g a a	g t c	c g a	g c c	880
Arg	Asn	Leu	Thr	Val	Asn	Tyr	Lys	Lys	Asn	Leu	Ile	Glu	Val	Arg	Ala	
		255					260					265				
g a t	a a a	c a a	g a g	g c t	g t a	t t t	g a g	a a c	c t g	g a c	a a a	c c a	g g a	g a g	a c c	928
Asp	Lys	Gln	Glu	Ala	Val	Phe	Glu	Asn	Leu	Asp	Lys	Pro	Gly	Glu	Thr	
	270					275					280					
c a a	g t g	a t t	t c a	t a t	g a a	a t g	c t t	c a t	g t c	a c a	c c t	c c a	a t g	a g c	c c a	976
Gln	Val	Ile	Ser	Tyr	Glu	Met	Leu	His	Val	Thr	Pro	Pro	Met	Ser	Pro	
285					290					295					300	
c c a	g a t	g t c	c t c	a a g	a c c	a g t	c c t	g t g	g c t	g a t	g c t	g c t	g g t	t g g	g t g	1024
Pro	Asp	Val	Leu	Lys	Thr	Ser	Pro	Val	Ala	Asp	Ala	Ala	Gly	Trp	Val	
				305					310					315		
g a t	g t g	g a t	a a a	g a a	a c t	c t g	c a a	c a c	a g g	a g g	t a c	c c a	a a t	g t g	t t t	1072
Asp	Val	Asp	Lys	Glu	Thr	Leu	Gln	His	Arg	Arg	Tyr	Pro	Asn	Val	Phe	
			320					325					330			
g g g	a t t	g g g	g a c	t g c	a c c	a a c	c t t	c c t	a c g	t c a	a a g	a c c	g c t	g c t	g c a	1120
Gly	Ile	Gly	Asp	Cys	Thr	Asn	Leu	Pro	Thr	Ser	Lys	Thr	Ala	Ala	Ala	
		335					340					345				
g t a	g c t	g c c	c a g	t c a	g g a	a t a	c t t	g a t	a g g	a c a	a t t	t c t	g t a	a t t	a t g	1168
Val	Ala	Ala	Gln	Ser	Gly	Ile	Leu	Asp	Arg	Thr	Ile	Ser	Val	Ile	Met	
	350					355					360					
a a g	a a t	c a a	a c a	c c a	a c a	a a g	a a g	t a t	g a t	g g c	t a c	a c a	t c a	t g t	c c a	1216
Lys	Asn	Gln	Thr	Pro	Thr	Lys	Lys	Tyr	Asp	Gly	Tyr	Thr	Ser	Cys	Pro	
365					370					375					380	
c t g	g t g	a c c	g g c	t a c	a a c	c g t	g t g	a t t	c t t	g c t	g a g	t t t	g a c	t a c	a a a	1264
Leu	Val	Thr	Gly	Tyr	Asn	Arg	Val	Ile	Leu	Ala	Glu	Phe	Asp	Tyr	Lys	
				385					390					395		
g c a	g a g	c c g	c t a	g a a	a c c	t t c	c c c	t t t	g a t	c a a	a g c	a a a	g a g	c g c	c t t	1312

Ala Glu Pro Leu Glu Thr Phe Pro Phe Asp Gln Ser Lys Glu Arg Leu
400 405 410

tcc atg tat ctc atg aaa gct gac ctg atg cct ttc ctg tat tgg aat 1360
Ser Met Tyr Leu Met Lys Ala Asp Leu Met Pro Phe Leu Tyr Trp Asn
415 420 425

atg atg cta agg ggt tac tgg gga gga cca gcg ttt ctg cgc aag ttg 1408
Met Met Leu Arg Gly Tyr Trp Gly Gly Pro Ala Phe Leu Arg Lys Leu
430 435 440

ttt cat cta ggt atg agt taa ggatggctca gcacttgctc atcttggatg 1459
Phe His Leu Gly Met Ser
445 450

gcttctgggc caaaactgca gtcactgaat gaccaagagc agcacgaagg acttggaacc 1519

tatccttgta aagagttcct tgatgggtaa tggtgaccaa atgcctccct tttcagtacc 1579

tttgaacagc aaccatgtgg gctactcatg atgggcttga ttctttggga ataataaaat 1639

gaaataatac ttttattttc tgaataaaaag tttgtcactg aaaaaaaaaa a 1690

<210> 12
<211> 450
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 12

Met Val Pro Leu Val Ala Val Val Ser Gly Pro Arg Ala Gln Leu Phe
1 5 10 15

Ala Cys Leu Leu Arg Leu Gly Thr Gln Gln Val Gly Pro Leu Gln Leu
20 25 30

His Thr Gly Ala Ser His Ala Ala Arg Asn His Tyr Glu Val Leu Val
35 40 45

Leu Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ile Thr Met Ala Ala Arg Met Lys Arg
50 55 60

Lys Val Gly Ala Glu Asn Val Ala Ile Val Glu Pro Ser Glu Arg His
65 70 75 80

Phe	Tyr	Gln	Pro	Ile	Trp	Thr	Leu	Val	Gly	Ala	Gly	Ala	Lys	Gln	Leu
				85					90					95	

Ser	Ser	Ser	Gly	Arg	Pro	Thr	Ala	Ser	Val	Ile	Pro	Ser	Gly	Val	Glu
			100					105					110		

Trp	Ile	Lys	Ala	Arg	Val	Thr	Glu	Leu	Asn	Pro	Asp	Lys	Asn	Cys	Ile
		115					120					125			

His	Thr	Asp	Asp	Asp	Glu	Lys	Ile	Ser	Tyr	Arg	Tyr	Leu	Ile	Ile	Ala
	130						135				140				

Leu	Gly	Ile	Gln	Leu	Asp	Tyr	Glu	Lys	Ile	Lys	Gly	Leu	Pro	Glu	Gly
145					150					155					160

Phe	Ala	His	Pro	Lys	Ile	Gly	Ser	Asn	Tyr	Ser	Val	Lys	Thr	Val	Glu
				165					170					175	

Lys	Thr	Trp	Lys	Ala	Leu	Gln	Asp	Phe	Lys	Glu	Gly	Asn	Ala	Ile	Phe
			180					185					190		

Thr	Phe	Pro	Asn	Thr	Pro	Val	Lys	Cys	Ala	Gly	Ala	Pro	Gln	Lys	Ile
		195					200					205			

Met	Tyr	Leu	Ser	Glu	Ala	Tyr	Phe	Arg	Lys	Thr	Gly	Lys	Arg	Ser	Lys
	210					215					220				

Ala	Asn	Ile	Ile	Phe	Asn	Thr	Ser	Leu	Gly	Ala	Ile	Phe	Gly	Val	Lys
225					230					235					240

Lys	Tyr	Ala	Asp	Ala	Leu	Gln	Glu	Ile	Ile	Gln	Glu	Arg	Asn	Leu	Thr
				245					250					255	

Val	Asn	Tyr	Lys	Lys	Asn	Leu	Ile	Glu	Val	Arg	Ala	Asp	Lys	Gln	Glu
			260					265					270		

Ala	Val	Phe	Glu	Asn	Leu	Asp	Lys	Pro	Gly	Glu	Thr	Gln	Val	Ile	Ser
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

275

280

285

Tyr Glu Met Leu His Val Thr Pro Pro Met Ser Pro Pro Asp Val Leu
290 295 300

Lys Thr Ser Pro Val Ala Asp Ala Ala Gly Trp Val Asp Val Asp Lys
305 310 315 320

Glu Thr Leu Gln His Arg Arg Tyr Pro Asn Val Phe Gly Ile Gly Asp
325 330 335

Cys Thr Asn Leu Pro Thr Ser Lys Thr Ala Ala Ala Val Ala Ala Gln
340 345 350

Ser Gly Ile Leu Asp Arg Thr Ile Ser Val Ile Met Lys Asn Gln Thr
355 360 365

Pro Thr Lys Lys Tyr Asp Gly Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Val Thr Gly
370 375 380

Tyr Asn Arg Val Ile Leu Ala Glu Phe Asp Tyr Lys Ala Glu Pro Leu
385 390 395 400

Glu Thr Phe Pro Phe Asp Gln Ser Lys Glu Arg Leu Ser Met Tyr Leu
405 410 415

Met Lys Ala Asp Leu Met Pro Phe Leu Tyr Trp Asn Met Met Leu Arg
420 425 430

Gly Tyr Trp Gly Gly Pro Ala Phe Leu Arg Lys Leu Phe His Leu Gly
435 440 445

Met Ser
450

<210> 13

<211> 2593

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (49)..(2259)

<223>

<400> 13

ggccagcgcg tctgcttgtt cgtgtgtgtg tcgttgcagg ccttattc atg ggc tca 57
Met Gly Ser
1

ccg ctg agg ttc gac ggg cgg gtg gta ctg gtc acc ggc gcg ggg gca 105
Pro Leu Arg Phe Asp Gly Arg Val Val Leu Val Thr Gly Ala Gly Ala
5 10 15

gga ttg ggc cga gcc tat gcc ctg gct ttt gca gaa aga gga gcg tta 153
Gly Leu Gly Arg Ala Tyr Ala Leu Ala Phe Ala Glu Arg Gly Ala Leu
20 25 30 35

gtt gtt gtg aat gat ttg gga ggg gac ttc aaa gga gtt ggt aaa ggc 201
Val Val Val Asn Asp Leu Gly Gly Asp Phe Lys Gly Val Gly Lys Gly
40 45 50

tcc tta gct gct gat aag gtt gtt gaa gaa ata aga agg aga ggt gga 249
Ser Leu Ala Ala Asp Lys Val Val Glu Glu Ile Arg Arg Arg Gly Gly
55 60 65

aaa gca gtg gcc aac tat gat tca gtg gaa gaa gga gag aag gtt gtg 297
Lys Ala Val Ala Asn Tyr Asp Ser Val Glu Glu Gly Glu Lys Val Val
70 75 80

aag aca gcc ctg gat gct ttt gga aga ata gat gtt gtg gtc aac aat 345
Lys Thr Ala Leu Asp Ala Phe Gly Arg Ile Asp Val Val Val Asn Asn
85 90 95

gct gga att ctg agg gat cgt tcc ttt gct agg ata agt gat gaa gac 393
Ala Gly Ile Leu Arg Asp Arg Ser Phe Ala Arg Ile Ser Asp Glu Asp
100 105 110 115

tgg gat ata atc cac aga gtt cat ttg cgg ggt tca ttc caa gtg aca 441
Trp Asp Ile Ile His Arg Val His Leu Arg Gly Ser Phe Gln Val Thr
120 125 130

cgg gca gca tgg gaa cac atg aag aaa cag aag tat gga agg att att 489
Arg Ala Ala Trp Glu His Met Lys Lys Gln Lys Tyr Gly Arg Ile Ile
135 140 145

atg act tca tca gct tca gga ata tat ggc aac ttt ggc cag gcc aat 537
Met Thr Ser Ser Ala Ser Gly Ile Tyr Gly Asn Phe Gly Gln Ala Asn

150				155				160											
tat	agt	gct	gca	aag	ttg	ggc	ctt	ctg	ggc	ctt	gca	aat	tct	ctt	gca	585			
Tyr	Ser	Ala	Ala	Lys	Leu	Gly	Leu	Leu	Gly	Leu	Ala	Asn	Ser	Leu	Ala				
165				170				175											
att	gaa	ggc	agg	aaa	agc	aac	att	cat	tgt	aac	acc	att	gct	cct	aat	633			
Ile	Glu	Gly	Arg	Lys	Ser	Asn	Ile	His	Cys	Asn	Thr	Ile	Ala	Pro	Asn				
180				185				190				195							
gcg	gga	tca	cgg	atg	act	cag	aca	gtt	atg	cct	gaa	gat	ctt	gtg	gaa	681			
Ala	Gly	Ser	Arg	Met	Thr	Gln	Thr	Val	Met	Pro	Glu	Asp	Leu	Val	Glu				
200				205				210											
gcc	ctg	aag	cca	gag	tat	gtg	gca	cct	ctt	gtc	ctt	tgg	ctt	tgt	cac	729			
Ala	Leu	Lys	Pro	Glu	Tyr	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Leu	Trp	Leu	Cys	His				
215				220				225											
gag	agt	tgt	gag	gag	aat	ggc	ggc	ttg	ttt	gag	gtt	gga	gca	gga	tgg	777			
Glu	Ser	Cys	Glu	Glu	Asn	Gly	Gly	Leu	Phe	Glu	Val	Gly	Ala	Gly	Trp				
230				235				240											
att	gga	aaa	tta	cgc	tgg	gag	cgg	act	ctt	gga	gct	att	gta	aga	caa	825			
Ile	Gly	Lys	Leu	Arg	Trp	Glu	Arg	Thr	Leu	Gly	Ala	Ile	Val	Arg	Gln				
245				250				255											
aag	aat	cac	cca	atg	act	cct	gag	gca	gtc	aag	gct	aac	tgg	aag	aag	873			
Lys	Asn	His	Pro	Met	Thr	Pro	Glu	Ala	Val	Lys	Ala	Asn	Trp	Lys	Lys				
260				265				270				275							
atc	tgt	gac	ttt	gag	aat	gcc	agc	aag	cct	cag	agt	atc	caa	gaa	tca	921			
Ile	Cys	Asp	Phe	Glu	Asn	Ala	Ser	Lys	Pro	Gln	Ser	Ile	Gln	Glu	Ser				
280				285				290											
act	ggc	agt	ata	att	gaa	gtt	ctg	agt	aaa	ata	gat	tca	gaa	gga	gga	969			
Thr	Gly	Ser	Ile	Ile	Glu	Val	Leu	Ser	Lys	Ile	Asp	Ser	Glu	Gly	Gly				
295				300				305											
gtt	tca	gca	aat	cat	act	agt	cgt	gca	acg	tct	aca	gca	aca	tca	gga	1017			
Val	Ser	Ala	Asn	His	Thr	Ser	Arg	Ala	Thr	Ser	Thr	Ala	Thr	Ser	Gly				
310				315				320											
ttt	gct	gga	gct	att	ggc	cag	aaa	ctc	cct	cca	ttt	tct	tat	gct	tat	1065			
Phe	Ala	Gly	Ala	Ile	Gly	Gln	Lys	Leu	Pro	Pro	Phe	Ser	Tyr	Ala	Tyr				
325				330				335											
acg	gaa	ctg	gaa	gct	att	atg	tat	gcc	ctt	gga	gtg	gga	gcg	tca	atc	1113			
Thr	Glu	Leu	Glu	Ala	Ile	Met	Tyr	Ala	Leu	Gly	Val	Gly	Ala	Ser	Ile				
340				345				350				355							

a a g	g a t	c c a	a a a	g a t	t t g	a a a	t t t	a t t	t a t	g a a	g g a	a g t	t c t	g a t	t t c	1161
L y s	A s p	P r o	L y s	A s p	L e u	L y s	P h e	I l e	T y r	G l u	G l y	S e r	S e r	A s p	P h e	
				360					365					370		
t c c	t g t	t t g	c c c	a c c	t t c	g g a	g t t	a t c	a t a	g g t	c a g	a a a	t c t	a t g	a t g	1209
S e r	C y s	L e u	P r o	T h r	P h e	G l y	V a l	I l e	I l e	G l y	G l n	L y s	S e r	M e t	M e t	
			375					380					385			
g g t	g g a	g g a	t t a	g c a	g a a	a t t	c c t	g g a	c t t	t c a	a t c	a a c	t t t	g c a	a a g	1257
G l y	G l y	G l y	L e u	A l a	G l u	I l e	P r o	G l y	L e u	S e r	I l e	A s n	P h e	A l a	L y s	
		390					395					400				
g t t	c t t	c a t	g g a	g a g	c a g	t a c	t t a	g a g	t t a	t a t	a a a	c c a	c t t	c c c	a g a	1305
V a l	L e u	H i s	G l y	G l u	G l n	T y r	L e u	G l u	L e u	T y r	L y s	P r o	L e u	P r o	A r g	
	405					410					415					
g c a	g g a	a a a	t t a	a a a	t g t	g a a	g c a	g t t	g t t	g c t	g a t	g t c	c t a	g a t	a a a	1353
A l a	G l y	L y s	L e u	L y s	C y s	G l u	A l a	V a l	V a l	A l a	A s p	V a l	L e u	A s p	L y s	
420					425					430					435	
g g a	t c c	g g t	g t a	g t g	a t t	a t t	a t g	g a t	g t c	t a t	t c t	t a t	t c t	g a g	a a g	1401
G l y	S e r	G l y	V a l	V a l	I l e	I l e	M e t	A s p	V a l	T y r	S e r	T y r	S e r	G l u	L y s	
				440					445					450		
g a a	c t t	a t a	t g c	c a c	a a t	c a g	t t c	t c t	c t c	t t t	c t t	g t t	g g c	t c t	g g a	1449
G l u	L e u	I l e	C y s	H i s	A s n	G l n	P h e	S e r	L e u	P h e	L e u	V a l	G l y	S e r	G l y	
			455					460					465			
g g c	t t t	g g t	g g a	a a a	c g g	a c a	t c a	g a c	a a a	g t c	a a g	g t a	g c t	g t a	g c c	1497
G l y	P h e	G l y	G l y	L y s	A r g	T h r	S e r	A s p	L y s	V a l	L y s	V a l	A l a	V a l	A l a	
		470					475					480				
a t a	c c t	a a t	a g a	c c t	c c t	g a t	g c t	g t a	c t t	a c a	g a t	a c c	a c c	t c t	c t t	1545
I l e	P r o	A s n	A r g	P r o	P r o	A s p	A l a	V a l	L e u	T h r	A s p	T h r	T h r	S e r	L e u	
	485					490					495					
a a t	c a g	g c t	g c t	t t g	t a c	c g c	c t c	a g t	g g a	g a c	t g g	a a t	c c c	t t a	c a c	1593
A s n	G l n	A l a	A l a	L e u	T y r	A r g	L e u	S e r	G l y	A s p	T r p	A s n	P r o	L e u	H i s	
500					505					510					515	
a t t	g a t	c c t	a a c	t t t	g c t	a g t	c t a	g c a	g g t	t t t	g a c	a a g	c c c	a t a	t t a	1641
I l e	A s p	P r o	A s n	P h e	A l a	S e r	L e u	A l a	G l y	P h e	A s p	L y s	P r o	I l e	L e u	
				520					525					530		
c a t	g g a	t t a	t g t	a c a	t t t	g g a	t t t	t c t	g c c	a g g	c g t	g t g	t t a	c a g	c a g	1689
H i s	G l y	L e u	C y s	T h r	P h e	G l y	P h e	S e r	A l a	A r g	A r g	V a l	L e u	G l n	G l n	
			535					540					545			
t t t	g c a	g a t	a a t	g a t	g t g	t c a	a g a	t t c	a a g	g c a	a t t	a a g	g c t	c g t	t t t	1737
P h e	A l a	A s p	A s n	A s p	V a l	S e r	A r g	P h e	L y s	A l a	I l e	L y s	A l a	A r g	P h e	

agatatcaga taactgcaga ttttcatttt ctactaattt tcatgtatca ttattttttac 2439
aaggaactat atataagcta gcacatgatt atccttctgt tcttagatct gtatcttcat 2499
aataaaaaat tttgcccagg tcctgtttcc ttagaatttg tgatagcatt gataagttga 2559
aaggaaaatt aaatcaataa aggcctttga tacc 2593

<210> 14
<211> 736
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 14

Met Gly Ser Pro Leu Arg Phe Asp Gly Arg Val Val Leu Val Thr Gly
1 5 10 15

Ala Gly Ala Gly Leu Gly Arg Ala Tyr Ala Leu Ala Phe Ala Glu Arg
20 25 30

Gly Ala Leu Val Val Val Asn Asp Leu Gly Gly Asp Phe Lys Gly Val
35 40 45

Gly Lys Gly Ser Leu Ala Ala Asp Lys Val Val Glu Glu Ile Arg Arg
50 55 60

Arg Gly Gly Lys Ala Val Ala Asn Tyr Asp Ser Val Glu Glu Gly Glu
65 70 75 80

Lys Val Val Lys Thr Ala Leu Asp Ala Phe Gly Arg Ile Asp Val Val
85 90 95

Val Asn Asn Ala Gly Ile Leu Arg Asp Arg Ser Phe Ala Arg Ile Ser
100 105 110

Asp Glu Asp Trp Asp Ile Ile His Arg Val His Leu Arg Gly Ser Phe
115 120 125

Gln Val Thr Arg Ala Ala Trp Glu His Met Lys Lys Gln Lys Tyr Gly
130 135 140

Arg	Ile	Ile	Met	Thr	Ser	Ser	Ala	Ser	Gly	Ile	Tyr	Gly	Asn	Phe	Gly
145					150					155					160
Gln	Ala	Asn	Tyr	Ser	Ala	Ala	Lys	Leu	Gly	Leu	Leu	Gly	Leu	Ala	Asn
				165					170					175	
Ser	Leu	Ala	Ile	Glu	Gly	Arg	Lys	Ser	Asn	Ile	His	Cys	Asn	Thr	Ile
			180					185					190		
Ala	Pro	Asn	Ala	Gly	Ser	Arg	Met	Thr	Gln	Thr	Val	Met	Pro	Glu	Asp
		195					200					205			
Leu	Val	Glu	Ala	Leu	Lys	Pro	Glu	Tyr	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Leu	Trp
	210					215					220				
Leu	Cys	His	Glu	Ser	Cys	Glu	Glu	Asn	Gly	Gly	Leu	Phe	Glu	Val	Gly
225					230					235					240
Ala	Gly	Trp	Ile	Gly	Lys	Leu	Arg	Trp	Glu	Arg	Thr	Leu	Gly	Ala	Ile
				245					250					255	
Val	Arg	Gln	Lys	Asn	His	Pro	Met	Thr	Pro	Glu	Ala	Val	Lys	Ala	Asn
			260					265					270		
Trp	Lys	Lys	Ile	Cys	Asp	Phe	Glu	Asn	Ala	Ser	Lys	Pro	Gln	Ser	Ile
		275					280					285			
Gln	Glu	Ser	Thr	Gly	Ser	Ile	Ile	Glu	Val	Leu	Ser	Lys	Ile	Asp	Ser
	290					295					300				
Glu	Gly	Gly	Val	Ser	Ala	Asn	His	Thr	Ser	Arg	Ala	Thr	Ser	Thr	Ala
305					310					315					320
Thr	Ser	Gly	Phe	Ala	Gly	Ala	Ile	Gly	Gln	Lys	Leu	Pro	Pro	Phe	Ser
				325					330					335	

Tyr	Ala	Tyr	Thr	Glu	Leu	Glu	Ala	Ile	Met	Tyr	Ala	Leu	Gly	Val	Gly	
			340					345					350			
Ala	Ser	Ile	Lys	Asp	Pro	Lys	Asp	Leu	Lys	Phe	Ile	Tyr	Glu	Gly	Ser	
		355					360					365				
Ser	Asp	Phe	Ser	Cys	Leu	Pro	Thr	Phe	Gly	Val	Ile	Ile	Gly	Gln	Lys	
	370					375					380					
Ser	Met	Met	Gly	Gly	Gly	Leu	Ala	Glu	Ile	Pro	Gly	Leu	Ser	Ile	Asn	
385					390					395					400	
Phe	Ala	Lys	Val	Leu	His	Gly	Glu	Gln	Tyr	Leu	Glu	Leu	Tyr	Lys	Pro	
			405					410						415		
Leu	Pro	Arg	Ala	Gly	Lys	Leu	Lys	Cys	Glu	Ala	Val	Val	Ala	Asp	Val	
			420					425					430			
Leu	Asp	Lys	Gly	Ser	Gly	Val	Val	Ile	Ile	Met	Asp	Val	Tyr	Ser	Tyr	
		435					440					445				
Ser	Glu	Lys	Glu	Leu	Ile	Cys	His	Asn	Gln	Phe	Ser	Leu	Phe	Leu	Val	
	450					455					460					
Gly	Ser	Gly	Gly	Phe	Gly	Gly	Lys	Arg	Thr	Ser	Asp	Lys	Val	Lys	Val	
465					470					475					480	
Ala	Val	Ala	Ile	Pro	Asn	Arg	Pro	Pro	Asp	Ala	Val	Leu	Thr	Asp	Thr	
			485						490					495		
Thr	Ser	Leu	Asn	Gln	Ala	Ala	Leu	Tyr	Arg	Leu	Ser	Gly	Asp	Trp	Asn	
			500					505					510			
Pro	Leu	His	Ile	Asp	Pro	Asn	Phe	Ala	Ser	Leu	Ala	Gly	Phe	Asp	Lys	
		515					520					525				
Pro	Ile	Leu	His	Gly	Leu	Cys	Thr	Phe	Gly	Phe	Ser	Ala	Arg	Arg	Val	
	530					535					540					

Leu	Gln	Gln	Phe	Ala	Asp	Asn	Asp	Val	Ser	Arg	Phe	Lys	Ala	Ile	Lys
545					550					555					560
Ala	Arg	Phe	Ala	Lys	Pro	Val	Tyr	Pro	Gly	Gln	Thr	Leu	Gln	Thr	Glu
				565					570					575	
Met	Trp	Lys	Glu	Gly	Asn	Arg	Ile	His	Phe	Gln	Thr	Lys	Val	Gln	Glu
			580					585					590		
Thr	Gly	Asp	Ile	Val	Ile	Ser	Asn	Ala	Tyr	Val	Asp	Leu	Ala	Pro	Thr
		595					600					605			
Ser	Gly	Thr	Ser	Ala	Lys	Thr	Pro	Ser	Glu	Gly	Gly	Lys	Leu	Gln	Ser
	610					615					620				
Thr	Phe	Val	Phe	Glu	Glu	Ile	Gly	Arg	Arg	Leu	Lys	Asp	Ile	Gly	Pro
625					630					635					640
Glu	Val	Val	Lys	Lys	Val	Asn	Ala	Val	Phe	Glu	Trp	His	Ile	Thr	Lys
				645					650					655	
Gly	Gly	Asn	Ile	Gly	Ala	Lys	Trp	Thr	Ile	Asp	Leu	Lys	Ser	Gly	Ser
			660					665					670		
Gly	Lys	Val	Tyr	Gln	Gly	Pro	Ala	Lys	Gly	Ala	Ala	Asp	Thr	Thr	Ile
		675					680					685			
Ile	Leu	Ser	Asp	Glu	Asp	Phe	Met	Glu	Val	Val	Leu	Gly	Lys	Leu	Asp
	690					695					700				
Pro	Gln	Lys	Ala	Phe	Phe	Ser	Gly	Arg	Leu	Lys	Ala	Arg	Gly	Asn	Ile
705					710					715					720
Met	Leu	Ser	Gln	Lys	Leu	Gln	Met	Ile	Leu	Lys	Asp	Tyr	Ala	Lys	Leu
				725					730					735	

<210> 15
<211> 2113
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (63)..(1694)
<223>

<400> 15
gtgcggttgg gaacgcggag cggacggatt cgattcaacg gggttccgga ccgcgctgcg 60

ct atg gag cag gtc aat gag ctg aag gag aaa ggc aac aag gcc ctg 107
Met Glu Gln Val Asn Glu Leu Lys Glu Lys Gly Asn Lys Ala Leu
1 5 10 15

agc gtg ggt aac atc gat gat gcc tta cag tgc tac tcc gaa gct att 155
Ser Val Gly Asn Ile Asp Asp Ala Leu Gln Cys Tyr Ser Glu Ala Ile
20 25 30

aag ctg gat ccc cac aac cac gtg ctg tac agc aac cgt tct gct gcc 203
Lys Leu Asp Pro His Asn His Val Leu Tyr Ser Asn Arg Ser Ala Ala
35 40 45

tat gcc aag aaa gga gac tac cag aag gct tat gag gat ggc tgc aag 251
Tyr Ala Lys Lys Gly Asp Tyr Gln Lys Ala Tyr Glu Asp Gly Cys Lys
50 55 60

act gtc gac cta aag cct gac tgg ggc aag ggc tat tca cga aaa gca 299
Thr Val Asp Leu Lys Pro Asp Trp Gly Lys Gly Tyr Ser Arg Lys Ala
65 70 75

gca gct cta gag ttc tta aac cgc ttt gaa gaa gcc aag cga acc tat 347
Ala Ala Leu Glu Phe Leu Asn Arg Phe Glu Glu Ala Lys Arg Thr Tyr
80 85 90 95

gag gag ggc tta aaa cac gag gca aat aac cct caa ctg aaa gag ggt 395
Glu Glu Gly Leu Lys His Glu Ala Asn Asn Pro Gln Leu Lys Glu Gly
100 105 110

tta cag aat atg gag gcc agg ttg gca gag aga aaa ttc atg aac cct 443
Leu Gln Asn Met Glu Ala Arg Leu Ala Glu Arg Lys Phe Met Asn Pro
115 120 125

ttc aac atg cct aat ctg tat cag aag ttg gag agt gat ccc agg aca 491
Phe Asn Met Pro Asn Leu Tyr Gln Lys Leu Glu Ser Asp Pro Arg Thr
130 135 140

agg aca cta ctc agt gat cct acc tac cgg gag ctg ata gag cag cta 539

Arg	Thr	Leu	Leu	Ser	Asp	Pro	Thr	Tyr	Arg	Glu	Leu	Ile	Glu	Gln	Leu	
	145					150					155					
cga	aac	aag	cct	tct	gac	ctg	ggc	acg	aaa	cta	caa	gat	ccc	cgg	atc	587
Arg	Asn	Lys	Pro	Ser	Asp	Leu	Gly	Thr	Lys	Leu	Gln	Asp	Pro	Arg	Ile	
160					165					170					175	
atg	acc	act	ctc	agc	gtc	ctc	ctt	ggg	gtc	gat	ctg	ggc	agt	atg	gat	635
Met	Thr	Thr	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Leu	Gly	Ser	Met	Asp	
				180					185					190		
gag	gag	gaa	gag	att	gca	aca	cct	cca	cca	cca	ccc	cct	ccc	aaa	aag	683
Glu	Glu	Glu	Glu	Ile	Ala	Thr	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Lys	Lys	
			195					200					205			
gag	acc	aag	cca	gag	cca	atg	gaa	gaa	gat	ctt	cca	gag	aat	aag	aag	731
Glu	Thr	Lys	Pro	Glu	Pro	Met	Glu	Glu	Asp	Leu	Pro	Glu	Asn	Lys	Lys	
		210						215				220				
cag	gca	ctg	aaa	gaa	aaa	gag	ctg	ggg	aac	gat	gcc	tac	aag	aag	aaa	779
Gln	Ala	Leu	Lys	Glu	Lys	Glu	Leu	Gly	Asn	Asp	Ala	Tyr	Lys	Lys	Lys	
	225					230					235					
gac	ttt	gac	aca	gcc	ttg	aag	cat	tac	gac	aaa	gcc	aag	gag	ctg	gac	827
Asp	Phe	Asp	Thr	Ala	Leu	Lys	His	Tyr	Asp	Lys	Ala	Lys	Glu	Leu	Asp	
240					245					250					255	
ccc	act	aac	atg	act	tac	att	acc	aat	caa	gca	gcg	gta	tac	ttt	gaa	875
Pro	Thr	Asn	Met	Thr	Tyr	Ile	Thr	Asn	Gln	Ala	Ala	Val	Tyr	Phe	Glu	
				260						265				270		
aag	ggc	gac	tac	aat	aag	tgc	cgg	gag	ctt	tgt	gag	aag	gcc	att	gaa	923
Lys	Gly	Asp	Tyr	Asn	Lys	Cys	Arg	Glu	Leu	Cys	Glu	Lys	Ala	Ile	Glu	
			275					280					285			
gtg	ggg	aga	gaa	aac	cga	gaa	gac	tat	cga	cag	att	gcc	aaa	gca	tat	971
Val	Gly	Arg	Glu	Asn	Arg	Glu	Asp	Tyr	Arg	Gln	Ile	Ala	Lys	Ala	Tyr	
		290					295					300				
gct	cga	att	ggc	aac	tcc	tac	ttc	aaa	gaa	gaa	aag	tac	aag	gat	gcc	1019
Ala	Arg	Ile	Gly	Asn	Ser	Tyr	Phe	Lys	Glu	Glu	Lys	Tyr	Lys	Asp	Ala	
	305					310						315				
atc	cat	ttc	tat	aac	aag	tct	ctg	gca	gag	cac	cga	acc	cca	gat	gtg	1067
Ile	His	Phe	Tyr	Asn	Lys	Ser	Leu	Ala	Glu	His	Arg	Thr	Pro	Asp	Val	
320					325					330					335	
ctc	aag	aaa	tgc	cag	cag	gca	gag	aaa	atc	ctg	aag	gag	caa	gag	cgg	1115
Leu	Lys	Lys	Cys	Gln	Gln	Ala	Glu	Lys	Ile	Leu	Lys	Glu	Gln	Glu	Arg	
				340					345					350		

ctg gcc tac ata aac ccc gac ctg gct ttg gag gag aag aac aaa ggc	1163
Leu Ala Tyr Ile Asn Pro Asp Leu Ala Leu Glu Glu Lys Asn Lys Gly	
355 360 365	
aac gag tgt ttt cag aaa ggg gac tat ccc cag gcc atg aag cat tat	1211
Asn Glu Cys Phe Gln Lys Gly Asp Tyr Pro Gln Ala Met Lys His Tyr	
370 375 380	
aca gaa gcc atc aaa agg aac ccg aaa gat gcc aaa tta tac agc aat	1259
Thr Glu Ala Ile Lys Arg Asn Pro Lys Asp Ala Lys Leu Tyr Ser Asn	
385 390 395	
cga gct gcc tgc tac acc aaa ctc ctg gag ttc cag ctg gca ctc aag	1307
Arg Ala Ala Cys Tyr Thr Lys Leu Leu Glu Phe Gln Leu Ala Leu Lys	
400 405 410 415	
gac tgt gag gaa tgt atc cag ctg gag ccg acc ttc atc aag ggt tat	1355
Asp Cys Glu Glu Cys Ile Gln Leu Glu Pro Thr Phe Ile Lys Gly Tyr	
420 425 430	
aca cgg aaa gcc gct gcg ctg gaa gcg atg aag gac tac acc aaa gcc	1403
Thr Arg Lys Ala Ala Ala Leu Glu Ala Met Lys Asp Tyr Thr Lys Ala	
435 440 445	
atg gat gtg tac cag aag gcg cta gac ctg gac tcc agc tgt aag gag	1451
Met Asp Val Tyr Gln Lys Ala Leu Asp Leu Asp Ser Ser Cys Lys Glu	
450 455 460	
gcg gca gac ggc tac cag cgc tgt atg atg gcg cag tac aac cgg cac	1499
Ala Ala Asp Gly Tyr Gln Arg Cys Met Met Ala Gln Tyr Asn Arg His	
465 470 475	
gac agc ccc gaa gat gtg aag cga cga gcc atg gcc gac cct gag gtg	1547
Asp Ser Pro Glu Asp Val Lys Arg Arg Ala Met Ala Asp Pro Glu Val	
480 485 490 495	
cag cag atc atg agt gac cca gcc atg cgc ctt atc ctg gaa cag atg	1595
Gln Gln Ile Met Ser Asp Pro Ala Met Arg Leu Ile Leu Glu Gln Met	
500 505 510	
cag aag gac ccc cag gca ctc agc gaa cac tta aag aat cct gta ata	1643
Gln Lys Asp Pro Gln Ala Leu Ser Glu His Leu Lys Asn Pro Val Ile	
515 520 525	
gca cag aag atc cag aag ctg atg gat gtg ggt ctg att gca att cgg	1691
Ala Gln Lys Ile Gln Lys Leu Met Asp Val Gly Leu Ile Ala Ile Arg	
530 535 540	
tga tgacttgttctc atccccctt cccttcgccc tcatgttggaag agaggagctg	1744

g g a c c g c g g c	g a g c a g c a c g	g a g c g g a a g g	g a g a g c a g g g	g a g a g a a g g c	c t c a t c t c t c	1804
t a t a t t t a t a	c a t a a c c c c g	g g g a a g a c a c	a g a g a c t c g t	a c c t g c g c t g	t t t g t g c c g c	1864
c g c t g c c t c t	g g g c c c t c c c	a g c a c a c g c a	t g g t c t c t t c	a c c g c t g c c c	t c g a g t t c c a	1924
t g t c t c t t t c	c c c t g c c c c t	a g t t g c t g t c	t c g g c t g c t c	t c c c a t a g t t	g g t t t t t t t t	1984
t t a t t t g g g g	c a g t g g g c a t	g t t a t g g g g a	g g g g a g g g g g	t t c t t c c a g c	c t c a g g t c c c	2044
a g c t g t c t c a	c g t t g t t t a t	t c t g c g t c c c	c t t c t c c a a t	a a a a c a a g c c	a g t t g g g c g t	2104
g g t t a t a a c						2113

Met	Glu	Gln	Val	Asn	Glu	Leu	Lys	Glu	Lys	Gly	Asn	Lys	Ala	Leu	Ser	
1				5					10					15		
Val	Gly	Asn	Ile	Asp	Asp	Ala	Leu	Gln	Cys	Tyr	Ser	Glu	Ala	Ile	Lys	
			20					25					30			
Leu	Asp	Pro	His	Asn	His	Val	Leu	Tyr	Ser	Asn	Arg	Ser	Ala	Ala	Tyr	
		35					40					45				
Ala	Lys	Lys	Gly	Asp	Tyr	Gln	Lys	Ala	Tyr	Glu	Asp	Gly	Cys	Lys	Thr	
	50					55					60					
Val	Asp	Leu	Lys	Pro	Asp	Trp	Gly	Lys	Gly	Tyr	Ser	Arg	Lys	Ala	Ala	
65					70					75					80	
Ala	Leu	Glu	Phe	Leu	Asn	Arg	Phe	Glu	Glu	Ala	Lys	Arg	Thr	Tyr	Glu	
				85					90					95		
Glu	Gly	Leu	Lys	His	Glu	Ala	Asn	Asn	Pro	Gln	Leu	Lys	Glu	Gly	Leu	
			100					105					110			

Gln	Asn	Met	Glu	Ala	Arg	Leu	Ala	Glu	Arg	Lys	Phe	Met	Asn	Pro	Phe
		115					120					125			

Asn	Met	Pro	Asn	Leu	Tyr	Gln	Lys	Leu	Glu	Ser	Asp	Pro	Arg	Thr	Arg
	130					135					140				

Thr	Leu	Leu	Ser	Asp	Pro	Thr	Tyr	Arg	Glu	Leu	Ile	Glu	Gln	Leu	Arg
145					150					155					160

Asn	Lys	Pro	Ser	Asp	Leu	Gly	Thr	Lys	Leu	Gln	Asp	Pro	Arg	Ile	Met
				165					170					175	

Thr	Thr	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Leu	Gly	Ser	Met	Asp	Glu
			180					185					190		

Glu	Glu	Glu	Ile	Ala	Thr	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Lys	Lys	Glu
		195					200					205			

Thr	Lys	Pro	Glu	Pro	Met	Glu	Glu	Asp	Leu	Pro	Glu	Asn	Lys	Lys	Gln
	210					215					220				

Ala	Leu	Lys	Glu	Lys	Glu	Leu	Gly	Asn	Asp	Ala	Tyr	Lys	Lys	Lys	Asp
225					230					235					240

Phe	Asp	Thr	Ala	Leu	Lys	His	Tyr	Asp	Lys	Ala	Lys	Glu	Leu	Asp	Pro
				245					250					255	

Thr	Asn	Met	Thr	Tyr	Ile	Thr	Asn	Gln	Ala	Ala	Val	Tyr	Phe	Glu	Lys
			260					265					270		

Gly	Asp	Tyr	Asn	Lys	Cys	Arg	Glu	Leu	Cys	Glu	Lys	Ala	Ile	Glu	Val
		275					280					285			

Gly	Arg	Glu	Asn	Arg	Glu	Asp	Tyr	Arg	Gln	Ile	Ala	Lys	Ala	Tyr	Ala
	290					295					300				

Arg	Ile	Gly	Asn	Ser	Tyr	Phe	Lys	Glu	Glu	Lys	Tyr	Lys	Asp	Ala	Ile
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

305																
His	Phe	Tyr	Asn	Lys	Ser	Leu	Ala	Glu	His	Arg	Thr	Pro	Asp	Val	Leu	
				325					330					335		
Lys	Lys	Cys	Gln	Gln	Ala	Glu	Lys	Ile	Leu	Lys	Glu	Gln	Glu	Arg	Leu	
			340					345					350			
Ala	Tyr	Ile	Asn	Pro	Asp	Leu	Ala	Leu	Glu	Glu	Lys	Asn	Lys	Gly	Asn	
		355					360					365				
Glu	Cys	Phe	Gln	Lys	Gly	Asp	Tyr	Pro	Gln	Ala	Met	Lys	His	Tyr	Thr	
	370					375					380					
Glu	Ala	Ile	Lys	Arg	Asn	Pro	Lys	Asp	Ala	Lys	Leu	Tyr	Ser	Asn	Arg	
385					390					395					400	
Ala	Ala	Cys	Tyr	Thr	Lys	Leu	Leu	Glu	Phe	Gln	Leu	Ala	Leu	Lys	Asp	
				405					410					415		
Cys	Glu	Glu	Cys	Ile	Gln	Leu	Glu	Pro	Thr	Phe	Ile	Lys	Gly	Tyr	Thr	
			420					425					430			
Arg	Lys	Ala	Ala	Ala	Leu	Glu	Ala	Met	Lys	Asp	Tyr	Thr	Lys	Ala	Met	
		435					440					445				
Asp	Val	Tyr	Gln	Lys	Ala	Leu	Asp	Leu	Asp	Ser	Ser	Cys	Lys	Glu	Ala	
	450					455					460					
Ala	Asp	Gly	Tyr	Gln	Arg	Cys	Met	Met	Ala	Gln	Tyr	Asn	Arg	His	Asp	
465					470					475					480	
Ser	Pro	Glu	Asp	Val	Lys	Arg	Arg	Ala	Met	Ala	Asp	Pro	Glu	Val	Gln	
				485					490					495		
Gln	Ile	Met	Ser	Asp	Pro	Ala	Met	Arg	Leu	Ile	Leu	Glu	Gln	Met	Gln	
			500					505					510			

Lys Asp Pro Gln Ala Leu Ser Glu His Leu Lys Asn Pro Val Ile Ala
515 520 525

Gln Lys Ile Gln Lys Leu Met Asp Val Gly Leu Ile Ala Ile Arg
530 535 540

<210> 17
<211> 2033
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (29)..(1705)
<223>

<400> 17
ggacgagcag cggaggcggg cggggagcgc atg gtg aag atg gcg gcg gcg ggc 52
Met Val Lys Met Ala Ala Ala Gly
1 5

ggc gga ggc ggc ggt ggc cgc tac tac ggc ggc ggc agt gag ggc ggc 100
Gly Gly Gly Gly Gly Gly Arg Tyr Tyr Gly Gly Gly Ser Glu Gly Gly
10 15 20

cgg gcc cct aag cgg ctc aag act gac aac gcc ggc gac cag cac gga 148
Arg Ala Pro Lys Arg Leu Lys Thr Asp Asn Ala Gly Asp Gln His Gly
25 30 35 40

ggc ggc ggc ggt ggc ggt gga gga gcc ggg gcg gcg ggc ggc ggc ggc 196
Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Gly Ala Ala Gly Gly Gly Gly
45 50 55

ggt ggg gag aac tac gat gac ccg cac aaa acc cct gcc tcc cca gtt 244
Gly Gly Glu Asn Tyr Asp Asp Pro His Lys Thr Pro Ala Ser Pro Val
60 65 70

gtc cac atc agg ggc ctg att gac ggt gtg gtg gaa gca gac ctt gtg 292
Val His Ile Arg Gly Leu Ile Asp Gly Val Val Glu Ala Asp Leu Val
75 80 85

gag gcc ttg cag gag ttt gga ccc atc agc tat gtg gtg gta atg cct 340
Glu Ala Leu Gln Glu Phe Gly Pro Ile Ser Tyr Val Val Val Met Pro
90 95 100

aaa aag aga caa gca ctg gtg gag ttt gaa gat gtg ttg ggg gct tgc 388
Lys Lys Arg Gln Ala Leu Val Glu Phe Glu Asp Val Leu Gly Ala Cys

105					110					115					120	
aac	gca	gtg	aac	tac	gca	gcc	gac	aac	caa	ata	tac	att	gct	ggt	cac	436
Asn	Ala	Val	Asn	Tyr	Ala	Ala	Asp	Asn	Gln	Ile	Tyr	Ile	Ala	Gly	His	
				125					130					135		
cca	gct	ttt	gtc	aac	tac	tct	acc	agc	cag	aag	atc	tcc	cgc	cct	ggg	484
Pro	Ala	Phe	Val	Asn	Tyr	Ser	Thr	Ser	Gln	Lys	Ile	Ser	Arg	Pro	Gly	
			140					145					150			
gac	tcg	gat	gac	tcc	cgg	agc	gtg	aac	agt	gtg	ctt	ctc	ttt	acc	atc	532
Asp	Ser	Asp	Asp	Ser	Arg	Ser	Val	Asn	Ser	Val	Leu	Leu	Phe	Thr	Ile	
		155					160					165				
ctg	aac	ccc	att	tat	tcg	atc	acc	acg	gat	gtt	ctt	tac	act	atc	tgt	580
Leu	Asn	Pro	Ile	Tyr	Ser	Ile	Thr	Thr	Asp	Val	Leu	Tyr	Thr	Ile	Cys	
	170					175					180					
aat	cct	tgt	ggc	cct	gtc	cag	aga	att	gtc	att	ttc	agg	aag	aat	gga	628
Asn	Pro	Cys	Gly	Pro	Val	Gln	Arg	Ile	Val	Ile	Phe	Arg	Lys	Asn	Gly	
185					190					195					200	
gtt	cag	gcg	atg	gtg	gaa	ttt	gac	tca	gtt	caa	agt	gcc	cag	cgg	gcc	676
Val	Gln	Ala	Met	Val	Glu	Phe	Asp	Ser	Val	Gln	Ser	Ala	Gln	Arg	Ala	
				205					210					215		
aag	gcc	tct	ctc	aat	ggg	gct	gat	atc	tat	tct	ggc	tgt	tgc	act	ctg	724
Lys	Ala	Ser	Leu	Asn	Gly	Ala	Asp	Ile	Tyr	Ser	Gly	Cys	Cys	Thr	Leu	
			220					225					230			
aag	atc	gaa	tac	gca	aag	cct	aca	cgc	ttg	aat	gtg	ttc	aag	aat	gat	772
Lys	Ile	Glu	Tyr	Ala	Lys	Pro	Thr	Arg	Leu	Asn	Val	Phe	Lys	Asn	Asp	
		235					240					245				
cag	gat	act	tgg	gac	tac	aca	aac	ccc	aat	ctc	agt	gga	caa	ggt	gac	820
Gln	Asp	Thr	Trp	Asp	Tyr	Thr	Asn	Pro	Asn	Leu	Ser	Gly	Gln	Gly	Asp	
	250					255					260					
cct	ggc	agc	aac	ccc	aac	aaa	cgc	cag	agg	cag	ccc	cct	ctc	ctg	gga	868
Pro	Gly	Ser	Asn	Pro	Asn	Lys	Arg	Gln	Arg	Gln	Pro	Pro	Leu	Leu	Gly	
265					270					275					280	
gat	cac	ccc	gca	gaa	tat	gga	ggg	ccc	cac	ggt	ggg	tac	cac	agc	cat	916
Asp	His	Pro	Ala	Glu	Tyr	Gly	Gly	Pro	His	Gly	Gly	Tyr	His	Ser	His	
				285				290						295		
tac	cat	gat	gag	ggc	tac	ggg	ccc	ccc	cca	cct	cac	tac	gaa	ggg	aga	964
Tyr	His	Asp	Glu	Gly	Tyr	Gly	Pro	Pro	Pro	Pro	His	Tyr	Glu	Gly	Arg	
			300				305						310			

agg	atg	ggt	cca	cca	gtg	ggg	ggt	cac	cgt	cgg	ggc	cca	agt	cgc	tac	1012
Arg	Met	Gly	Pro	Pro	Val	Gly	Gly	His	Arg	Arg	Gly	Pro	Ser	Arg	Tyr	
		315					320					325				
ggc	ccc	cag	tat	ggg	cac	ccc	cca	ccc	cct	ccc	cca	cca	ccc	gag	tat	1060
Gly	Pro	Gln	Tyr	Gly	His	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Glu	Tyr	
	330					335						340				
ggc	cct	cac	gcc	gac	agc	cct	gtg	ctc	atg	gtc	tat	ggc	ttg	gat	caa	1108
Gly	Pro	His	Ala	Asp	Ser	Pro	Val	Leu	Met	Val	Tyr	Gly	Leu	Asp	Gln	
345					350					355					360	
tct	aag	atg	aac	ggt	gac	cga	gtc	ttc	aat	gtc	ttc	tgc	tta	tat	ggc	1156
Ser	Lys	Met	Asn	Gly	Asp	Arg	Val	Phe	Asn	Val	Phe	Cys	Leu	Tyr	Gly	
				365					370					375		
aat	gtg	gag	aag	gtg	aaa	ttc	atg	aaa	agc	aag	ccg	ggg	gcc	gcc	atg	1204
Asn	Val	Glu	Lys	Val	Lys	Phe	Met	Lys	Ser	Lys	Pro	Gly	Ala	Ala	Met	
			380					385					390			
gtg	gag	atg	gct	gat	ggc	tac	gct	gta	gac	cgg	gcc	att	acc	cac	ctc	1252
Val	Glu	Met	Ala	Asp	Gly	Tyr	Ala	Val	Asp	Arg	Ala	Ile	Thr	His	Leu	
		395					400					405				
aac	aac	aac	ttc	atg	ttt	ggg	cag	aag	ctg	aat	gtc	tgt	gtc	tcc	aag	1300
Asn	Asn	Asn	Phe	Met	Phe	Gly	Gln	Lys	Leu	Asn	Val	Cys	Val	Ser	Lys	
	410					415					420					
cag	cca	gcc	atc	atg	cct	ggt	cag	tca	tac	ggg	ttg	gaa	gac	ggg	tct	1348
Gln	Pro	Ala	Ile	Met	Pro	Gly	Gln	Ser	Tyr	Gly	Leu	Glu	Asp	Gly	Ser	
425					430					435					440	
tgc	agt	tac	aaa	gac	ttc	agt	gaa	tcc	cgg	aac	aat	cgg	ttc	tcc	acc	1396
Cys	Ser	Tyr	Lys	Asp	Phe	Ser	Glu	Ser	Arg	Asn	Asn	Arg	Phe	Ser	Thr	
				445					450					455		
cca	gag	cag	gca	gcc	aag	aac	cgc	atc	cag	cac	ccc	agc	aac	gtg	ctg	1444
Pro	Glu	Gln	Ala	Ala	Lys	Asn	Arg	Ile	Gln	His	Pro	Ser	Asn	Val	Leu	
			460					465					470			
cac	ttc	ttc	aac	gcc	ccg	ctg	gag	gtg	acc	gag	gag	aac	ttc	ttt	gag	1492
His	Phe	Phe	Asn	Ala	Pro	Leu	Glu	Val	Thr	Glu	Glu	Asn	Phe	Phe	Glu	
		475					480					485				
atc	tgc	gat	gag	ctg	gga	gtg	aag	cgg	cca	tct	tct	gtg	aaa	gta	ttc	1540
Ile	Cys	Asp	Glu	Leu	Gly	Val	Lys	Arg	Pro	Ser	Ser	Val	Lys	Val	Phe	
	490					495					500					
tca	ggc	aaa	agt	gag	cgc	agc	tcc	tct	gga	ctg	ctg	gag	tgg	gaa	tcc	1588
Ser	Gly	Lys	Ser	Glu	Arg	Ser	Ser	Ser	Gly	Leu	Leu	Glu	Trp	Glu	Ser	

505 510 515 520

aag agc gat gcc ctg gag act ctg ggc ttc ctg aac cat tac cag atg 1636
Lys Ser Asp Ala Leu Glu Thr Leu Gly Phe Leu Asn His Tyr Gln Met
525 530 535

aaa aac cca aat ggt cca tac cct tac act ctg aag ttg tgt ttc tcc 1684
Lys Asn Pro Asn Gly Pro Tyr Pro Tyr Thr Leu Lys Leu Cys Phe Ser
540 545 550

act gct cag cac gcc tcc taa ttaggtgcct aggaagagtc ccatctgagc 1735
Thr Ala Gln His Ala Ser
555

aggaagacat ttctctttcc tttatgccat tttttgtttt tgttatttgc aaaagatctt 1795

gtattccttt tttttttttt ttttttttaa atgctagggt tgtagaggct tacttaacct 1855

taatggaaac gctggaaatc tgcagggggga gggagagggg aactgttata tcccaagatt 1915

aaccttcact tttaaaaaat tattgtacat gtgatTTTTT tttttcctgt tcatacatTT 1975

gtgctgcccc tgtactcttg gcacattttca ataaaaattgt ttggaaaata aacacagc 2033

<210> 18
<211> 558
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 18

Met Val Lys Met Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Arg Tyr
1 5 10 15

Tyr Gly Gly Gly Ser Glu Gly Gly Arg Ala Pro Lys Arg Leu Lys Thr
20 25 30

Asp Asn Ala Gly Asp Gln His Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly
35 40 45

Ala Gly Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Glu Asn Tyr Asp Asp Pro
50 55 60

His Lys Thr Pro Ala Ser Pro Val Val His Ile Arg Gly Leu Ile Asp
65 70 75 80

Gly	Val	Val	Glu	Ala	Asp	Leu	Val	Glu	Ala	Leu	Gln	Glu	Phe	Gly	Pro	
			85					90						95		
Ile	Ser	Tyr	Val	Val	Val	Met	Pro	Lys	Lys	Arg	Gln	Ala	Leu	Val	Glu	
			100					105					110			
Phe	Glu	Asp	Val	Leu	Gly	Ala	Cys	Asn	Ala	Val	Asn	Tyr	Ala	Ala	Asp	
		115					120					125				
Asn	Gln	Ile	Tyr	Ile	Ala	Gly	His	Pro	Ala	Phe	Val	Asn	Tyr	Ser	Thr	
	130					135					140					
Ser	Gln	Lys	Ile	Ser	Arg	Pro	Gly	Asp	Ser	Asp	Asp	Ser	Arg	Ser	Val	
145					150					155					160	
Asn	Ser	Val	Leu	Leu	Phe	Thr	Ile	Leu	Asn	Pro	Ile	Tyr	Ser	Ile	Thr	
			165						170					175		
Thr	Asp	Val	Leu	Tyr	Thr	Ile	Cys	Asn	Pro	Cys	Gly	Pro	Val	Gln	Arg	
			180					185					190			
Ile	Val	Ile	Phe	Arg	Lys	Asn	Gly	Val	Gln	Ala	Met	Val	Glu	Phe	Asp	
		195					200					205				
Ser	Val	Gln	Ser	Ala	Gln	Arg	Ala	Lys	Ala	Ser	Leu	Asn	Gly	Ala	Asp	
	210					215					220					
Ile	Tyr	Ser	Gly	Cys	Cys	Thr	Leu	Lys	Ile	Glu	Tyr	Ala	Lys	Pro	Thr	
225					230					235					240	
Arg	Leu	Asn	Val	Phe	Lys	Asn	Asp	Gln	Asp	Thr	Trp	Asp	Tyr	Thr	Asn	
			245						250					255		
Pro	Asn	Leu	Ser	Gly	Gln	Gly	Asp	Pro	Gly	Ser	Asn	Pro	Asn	Lys	Arg	
		260						265					270			

Gln	Arg	Gln	Pro	Pro	Leu	Leu	Gly	Asp	His	Pro	Ala	Glu	Tyr	Gly	Gly	
		275					280					285				
Pro	His	Gly	Gly	Tyr	His	Ser	His	Tyr	His	Asp	Glu	Gly	Tyr	Gly	Pro	
	290					295				300						
Pro	Pro	Pro	His	Tyr	Glu	Gly	Arg	Arg	Met	Gly	Pro	Pro	Val	Gly	Gly	
305					310					315					320	
His	Arg	Arg	Gly	Pro	Ser	Arg	Tyr	Gly	Pro	Gln	Tyr	Gly	His	Pro	Pro	
				325					330					335		
Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Glu	Tyr	Gly	Pro	His	Ala	Asp	Ser	Pro	Val	
			340					345					350			
Leu	Met	Val	Tyr	Gly	Leu	Asp	Gln	Ser	Lys	Met	Asn	Gly	Asp	Arg	Val	
		355					360					365				
Phe	Asn	Val	Phe	Cys	Leu	Tyr	Gly	Asn	Val	Glu	Lys	Val	Lys	Phe	Met	
	370					375					380					
Lys	Ser	Lys	Pro	Gly	Ala	Ala	Met	Val	Glu	Met	Ala	Asp	Gly	Tyr	Ala	
385					390					395					400	
Val	Asp	Arg	Ala	Ile	Thr	His	Leu	Asn	Asn	Asn	Phe	Met	Phe	Gly	Gln	
				405					410					415		
Lys	Leu	Asn	Val	Cys	Val	Ser	Lys	Gln	Pro	Ala	Ile	Met	Pro	Gly	Gln	
			420					425					430			
Ser	Tyr	Gly	Leu	Glu	Asp	Gly	Ser	Cys	Ser	Tyr	Lys	Asp	Phe	Ser	Glu	
		435					440					445				
Ser	Arg	Asn	Asn	Arg	Phe	Ser	Thr	Pro	Glu	Gln	Ala	Ala	Lys	Asn	Arg	
	450					455					460					
Ile	Gln	His	Pro	Ser	Asn	Val	Leu	His	Phe	Phe	Asn	Ala	Pro	Leu	Glu	
465					470					475					480	

Val Thr Glu Glu Asn Phe Phe Glu Ile Cys Asp Glu Leu Gly Val Lys
485490495

Arg Pro Ser Ser Val Lys Val Phe Ser Gly Lys Ser Glu Arg Ser Ser
500505510

Ser Gly Leu Leu Glu Trp Glu Ser Lys Ser Asp Ala Leu Glu Thr Leu
515520525

Gly Phe Leu Asn His Tyr Gln Met Lys Asn Pro Asn Gly Pro Tyr Pro
530535540

Tyr Thr Leu Lys Leu Cys Phe Ser Thr Ala Gln His Ala Ser
545550555

<210> 19
<211> 3465
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (219)..(2639)
<223>

<400> 19
ctcgcgccag gcgagtctcc gcgtctccct cgcgaactcg gtgaaaggaa ttggcgccgt 60

tcgacaccag gcggatccgc tctgcagcac gaaccctct ccagccgcag ccgcagccgc 120

cgccccgggcc gaggagcagc cgcagcagcc gccaccagtg gccgagtgag cggagccgag 180

tttgaggcag cgcctagcgg tgaatcgggg ccctcacc atg agt tcc tcg cct gtt 236
Met Ser Ser Ser Pro Val
15

aat gta aaa aag ctg aag gtg tcg gag ctg aaa gag gag ctc aag aag 284
Asn Val Lys Lys Leu Lys Val Ser Glu Leu Lys Glu Glu Leu Lys Lys
101520

cga cgc ctt tct gac aag ggt ctc aag gcc gag ctc atg gag cga ctc 332
Arg Arg Leu Ser Asp Lys Gly Leu Lys Ala Glu Leu Met Glu Arg Leu
253035

c a g	g c t	g c g	c t g	g a c	g a c	g a g	g a g	g c c	g g g	g g c	c g c	c c c	g c c	a t g	g a g	380
G l n	A l a	A l a	L e u	A s p	A s p	G l u	G l u	A l a	G l y	G l y	A r g	P r o	A l a	M e t	G l u	
40						45					50					
c c c	g g g	a a c	g g c	a g c	c t a	g a c	c t g	g g c	g g g	g a t	t c c	g c t	g g g	c g c	t c g	428
P r o	G l y	A s n	G l y	S e r	L e u	A s p	L e u	G l y	G l y	A s p	S e r	A l a	G l y	A r g	S e r	
55					60					65					70	
g g a	g c a	g g c	c t c	g a g	c a g	g a g	g c c	g c g	g c c	g g c	g g c	g a t	g a a	g a g	g a g	476
G l y	A l a	G l y	L e u	G l u	G l n	G l u	A l a	A l a	A l a	G l y	G l y	A s p	G l u	G l u	G l u	
			75					80						85		
g a g	g a a	g a g	g a a	g a g	g a g	g a g	g a a	g g a	a t c	t c c	g c t	c t g	g a c	g g c	g a c	524
G l u	G l u	G l u	G l u	G l u	G l u	G l u	G l u	G l y	I l e	S e r	A l a	L e u	A s p	G l y	A s p	
			90					95					100			
c a g	a t g	g a g	c t a	g g a	g a g	g a g	a a c	g g g	g c c	g c g	g g g	g c g	g c c	g a c	t c g	572
G l n	M e t	G l u	L e u	G l y	G l u	G l u	A s n	G l y	A l a	A l a	G l y	A l a	A l a	A s p	S e r	
	105						110					115				
g g c	c c g	a t g	g a g	g a g	g a g	g a g	g c c	g c c	t c g	g a a	g a c	g a g	a a c	g g c	g a c	620
G l y	P r o	M e t	G l u	G l u	G l u	G l u	A l a	A l a	S e r	G l u	A s p	G l u	A s n	G l y	A s p	
	120						125				130					
g a t	c a g	g g t	t t c	c a g	g a a	g g g	g a a	g a t	g a g	c t c	g g g	g a c	g a a	g a g	g a a	668
A s p	G l n	G l y	P h e	G l n	G l u	G l y	G l u	A s p	G l u	L e u	G l y	A s p	G l u	G l u	G l u	
135					140					145					150	
g g c	g c g	g g c	g a c	g a g	a a c	g g g	c a c	g g g	g a g	c a g	c a g	c c t	c a a	c c g	c c g	716
G l y	A l a	G l y	A s p	G l u	A s n	G l y	H i s	G l y	G l u	G l n	G l n	P r o	G l n	P r o	P r o	
			155					160						165		
g c g	a c g	c a g	c a g	c a a	c a g	c c c	c a a	c a g	c a g	c g c	g g g	g c c	g c c	a a g	g a g	764
A l a	T h r	G l n	G l n	G l n	G l n	P r o	G l n	G l n	G l n	A r g	G l y	A l a	A l a	L y s	G l u	
			170					175					180			
g c c	g c g	g g g	a a g	a g c	a g c	g g c	c c c	a c c	t c g	c t g	t t c	g c g	g t g	a c g	g t g	812
A l a	A l a	G l y	L y s	S e r	S e r	G l y	P r o	T h r	S e r	L e u	P h e	A l a	V a l	T h r	V a l	
		185					190					195				
g c g	c c g	c c c	g g g	g c g	a g g	c a g	g g c	c a g	c a g	c a g	g c g	g g a	g g g	g a c	g g c	860
A l a	P r o	P r o	G l y	A l a	A r g	G l n	G l y	G l n	G l n	G l n	A l a	G l y	G l y	A s p	G l y	
	200					205					210					
a a a	a c a	g a a	c a g	a a a	g g c	g g a	g a t	a a a	a a g	a g g	g g t	g t t	a a a	a g a	c c a	908
L y s	T h r	G l u	G l n	L y s	G l y	G l y	A s p	L y s	L y s	A r g	G l y	V a l	L y s	A r g	P r o	
215					220					225					230	
c g a	g a a	g a t	c a t	g g c	c g t	g g a	t a t	t t t	g a g	t a c	a t t	g a a	g a g	a a c	a a g	956

Arg	Glu	Asp	His	Gly	Arg	Gly	Tyr	Phe	Glu	Tyr	Ile	Glu	Glu	Asn	Lys	
				235					240					245		
tat	agc	aga	gcc	aaa	tct	cct	cag	cca	cct	gtt	gaa	gaa	gaa	gat	gaa	1004
Tyr	Ser	Arg	Ala	Lys	Ser	Pro	Gln	Pro	Pro	Val	Glu	Glu	Glu	Asp	Glu	
			250					255					260			
cac	ttc	gat	gac	aca	gtg	gtt	tgt	ctt	gat	act	tat	aat	tgt	gat	cta	1052
His	Phe	Asp	Asp	Thr	Val	Val	Cys	Leu	Asp	Thr	Tyr	Asn	Cys	Asp	Leu	
		265					270					275				
cat	ttt	aaa	ata	tca	aga	gat	cgt	ctc	agt	gct	tct	tcc	ctt	aca	atg	1100
His	Phe	Lys	Ile	Ser	Arg	Asp	Arg	Leu	Ser	Ala	Ser	Ser	Leu	Thr	Met	
	280					285					290					
gag	agt	ttt	gct	ttt	ctt	tgg	gct	gga	gga	aga	gca	tcc	tat	ggg	gtg	1148
Glu	Ser	Phe	Ala	Phe	Leu	Trp	Ala	Gly	Gly	Arg	Ala	Ser	Tyr	Gly	Val	
295					300					305					310	
tca	aaa	ggc	aaa	gtg	tgt	ttt	gag	atg	aag	gtt	aca	gag	aag	atc	cca	1196
Ser	Lys	Gly	Lys	Val	Cys	Phe	Glu	Met	Lys	Val	Thr	Glu	Lys	Ile	Pro	
			315					320						325		
gta	agg	cat	tta	tat	aca	aaa	gat	att	gac	ata	cat	gaa	gtt	cgt	att	1244
Val	Arg	His	Leu	Tyr	Thr	Lys	Asp	Ile	Asp	Ile	His	Glu	Val	Arg	Ile	
			330					335					340			
ggc	tgg	tca	cta	act	aca	agt	gga	atg	tta	ctt	ggg	gaa	gaa	gaa	ttt	1292
Gly	Trp	Ser	Leu	Thr	Thr	Ser	Gly	Met	Leu	Leu	Gly	Glu	Glu	Glu	Phe	
		345					350					355				
tct	tat	ggg	tat	tct	cta	aaa	gga	ata	aaa	aca	tgc	aac	tgt	gag	act	1340
Ser	Tyr	Gly	Tyr	Ser	Leu	Lys	Gly	Ile	Lys	Thr	Cys	Asn	Cys	Glu	Thr	
	360					365					370					
gaa	gat	tat	gga	gaa	aag	ttt	gat	gaa	aat	gat	gtg	att	aca	tgt	ttt	1388
Glu	Asp	Tyr	Gly	Glu	Lys	Phe	Asp	Glu	Asn	Asp	Val	Ile	Thr	Cys	Phe	
375					380					385					390	
gct	aac	ttt	gaa	agt	gat	gaa	gta	gaa	ctc	tcg	tat	gct	aag	aat	gga	1436
Ala	Asn	Phe	Glu	Ser	Asp	Glu	Val	Glu	Leu	Ser	Tyr	Ala	Lys	Asn	Gly	
			395					400						405		
caa	gat	ctt	ggc	gtt	gcc	ttc	aaa	atc	agt	aag	gaa	gtt	ctt	gct	gga	1484
Gln	Asp	Leu	Gly	Val	Ala	Phe	Lys	Ile	Ser	Lys	Glu	Val	Leu	Ala	Gly	
		410						415					420			
cgg	cca	ctg	ttc	ccg	cat	gtt	ctc	tgc	cac	aac	tgt	gca	gtt	gaa	ttt	1532
Arg	Pro	Leu	Phe	Pro	His	Val	Leu	Cys	His	Asn	Cys	Ala	Val	Glu	Phe	
		425					430					435				

aat	ttt	ggt	cag	aag	gaa	aag	cca	tat	ttt	cca	ata	cct	gaa	gag	tat	1580
Asn	Phe	Gly	Gln	Lys	Glu	Lys	Pro	Tyr	Phe	Pro	Ile	Pro	Glu	Glu	Tyr	
	440					445					450					
act	ttc	atc	cag	aac	gtc	ccc	tta	gag	gat	cga	gtt	aga	gga	cca	aag	1628
Thr	Phe	Ile	Gln	Asn	Val	Pro	Leu	Glu	Asp	Arg	Val	Arg	Gly	Pro	Lys	
455					460					465					470	
ggg	cct	gaa	gag	aag	aaa	gat	tgt	gaa	gtt	gtg	atg	atg	att	ggc	ttg	1676
Gly	Pro	Glu	Glu	Lys	Lys	Asp	Cys	Glu	Val	Val	Met	Met	Ile	Gly	Leu	
				475					480					485		
cca	gga	gct	gga	aaa	act	acc	tgg	gtt	act	aaa	cat	gca	gca	gaa	aat	1724
Pro	Gly	Ala	Gly	Lys	Thr	Thr	Trp	Val	Thr	Lys	His	Ala	Ala	Glu	Asn	
			490					495					500			
cca	ggg	aaa	tat	aac	att	ctt	ggc	aca	aat	act	att	atg	gat	aag	atg	1772
Pro	Gly	Lys	Tyr	Asn	Ile	Leu	Gly	Thr	Asn	Thr	Ile	Met	Asp	Lys	Met	
		505					510					515				
atg	gtg	gca	ggt	ttt	aag	aag	caa	atg	gca	gat	act	gga	aaa	ctg	aac	1820
Met	Val	Ala	Gly	Phe	Lys	Lys	Gln	Met	Ala	Asp	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	
	520					525					530					
aca	ctg	ttg	cag	aga	gcc	ccc	cag	tgt	ctt	ggg	aaa	ttt	att	gag	att	1868
Thr	Leu	Leu	Gln	Arg	Ala	Pro	Gln	Cys	Leu	Gly	Lys	Phe	Ile	Glu	Ile	
535					540					545					550	
gct	gcc	cga	aag	aag	cga	aat	ttt	att	ctg	gat	cag	aca	aat	gtg	tct	1916
Ala	Ala	Arg	Lys	Lys	Arg	Asn	Phe	Ile	Leu	Asp	Gln	Thr	Asn	Val	Ser	
				555					560					565		
gct	gct	gcc	cag	agg	aga	aaa	atg	tgc	ctg	ttt	gca	ggc	ttc	cag	cga	1964
Ala	Ala	Ala	Gln	Arg	Arg	Lys	Met	Cys	Leu	Phe	Ala	Gly	Phe	Gln	Arg	
			570					575					580			
aaa	gct	gtt	gta	gtt	tgc	cca	aaa	gat	gaa	gac	tat	aag	caa	aga	aca	2012
Lys	Ala	Val	Val	Val	Cys	Pro	Lys	Asp	Glu	Asp	Tyr	Lys	Gln	Arg	Thr	
		585					590					595				
cag	aag	aaa	gca	gaa	gta	gag	ggg	aaa	gac	cta	cca	gaa	cat	gcg	gtc	2060
Gln	Lys	Lys	Ala	Glu	Val	Glu	Gly	Lys	Asp	Leu	Pro	Glu	His	Ala	Val	
	600					605					610					
ctc	aaa	atg	aaa	gga	aac	ttt	acc	ctc	cca	gag	gta	gct	gag	tgc	ttt	2108
Leu	Lys	Met	Lys	Gly	Asn	Phe	Thr	Leu	Pro	Glu	Val	Ala	Glu	Cys	Phe	
615					620					625					630	
gat	gaa	ata	acc	tat	gtt	gaa	ctt	cag	aag	gaa	gaa	gcc	caa	aaa	ctc	2156

Asp	Glu	Ile	Thr	Tyr	Val	Glu	Leu	Gln	Lys	Glu	Glu	Ala	Gln	Lys	Leu			
				635						640			645					
ttg	gag	caa	tat	aag	gaa	gaa	agc	aaa	aag	gct	ctt	cca	cca	gaa	aag	2204		
Leu	Glu	Gln	Tyr	Lys	Glu	Glu	Ser	Lys	Lys	Ala	Leu	Pro	Pro	Glu	Lys			
				650						655			660					
aaa	cag	aac	act	ggc	tca	aag	aaa	agc	aat	aaa	aat	aag	agt	ggc	aag	2252		
Lys	Gln	Asn	Thr	Gly	Ser	Lys	Lys	Ser	Asn	Lys	Asn	Lys	Ser	Gly	Lys			
				665						670			675					
aac	cag	ttt	aac	aga	ggt	ggt	ggc	cat	aga	gga	cgt	gga	gga	ttc	aat	2300		
Asn	Gln	Phe	Asn	Arg	Gly	Gly	Gly	His	Arg	Gly	Arg	Gly	Gly	Phe	Asn			
				680						685			690					
atg	cgt	ggt	gga	aat	ttc	aga	gga	gga	gcc	cct	ggg	aat	cgt	ggc	gga	2348		
Met	Arg	Gly	Gly	Asn	Phe	Arg	Gly	Gly	Ala	Pro	Gly	Asn	Arg	Gly	Gly			
				695			700			705			710					
tat	aat	agg	agg	ggc	aac	atg	cca	cag	aga	ggt	ggt	ggc	ggt	gga	gga	2396		
Tyr	Asn	Arg	Arg	Gly	Asn	Met	Pro	Gln	Arg	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly			
				715						720			725					
agt	ggt	gga	atc	ggc	tat	cca	tac	cct	cgt	gcc	cct	gtt	ttt	cct	ggc	2444		
Ser	Gly	Gly	Ile	Gly	Tyr	Pro	Tyr	Pro	Arg	Ala	Pro	Val	Phe	Pro	Gly			
				730						735			740					
cgt	ggt	agt	tac	tca	aac	aga	ggg	aac	tac	aac	aga	ggt	gga	atg	ccc	2492		
Arg	Gly	Ser	Tyr	Ser	Asn	Arg	Gly	Asn	Tyr	Asn	Arg	Gly	Gly	Met	Pro			
				745						750			755					
aac	aga	ggg	aac	tac	aac	cag	aac	ttc	aga	gga	cga	gga	aac	aat	cgt	2540		
Asn	Arg	Gly	Asn	Tyr	Asn	Gln	Asn	Phe	Arg	Gly	Arg	Gly	Asn	Asn	Arg			
				760						765			770					
ggc	tac	aaa	aat	caa	tct	cag	ggc	tac	aac	cag	tgg	cag	cag	ggt	caa	2588		
Gly	Tyr	Lys	Asn	Gln	Ser	Gln	Gly	Tyr	Asn	Gln	Trp	Gln	Gln	Gly	Gln			
				775						780			785			790		
ttc	tgg	ggt	cag	aag	cca	tgg	agt	cag	cat	tat	cac	caa	gga	tat	tat	2636		
Phe	Trp	Gly	Gln	Lys	Pro	Trp	Ser	Gln	His	Tyr	His	Gln	Gly	Tyr	Tyr			
				795						800			805					
tga	atacccaaat			aaaacgaact			gatacatatt			tctccaaaac			cttcacaaga			2689		
agtcgactgt			tttcttttagt			aggctaactt			tttaaacatt			ccacaagagg			aagtgccctgc			2749
gggttccttt			tttagaagct			ttgtgggttg			atTTTTTTTTTc			TTTTTctTTTT			tgtacatttt			2809
taattgca			gtttaaaagtga			atcgtaagag			aacctcagca			ttgtgcacga			taagagaatg			2869

t g t c a g t a t t	t c a g g g t t c t	a c a t t t t a t c	t g t a a a a t g t	g a c t t t t t t t	t t t t t t t t a t c	2929
a c a a c a g a a g	t a a a a t g t t g	c t t t g t a c c t	g g t g t c t t t t	a t t a a g a a t t	t a c t c c c c c c	2989
a t t t c t c a c a	g a g a a t a a c a	g t c g g g a g t c	a t t g t c a c a a	t a t a a t a g a a	a t g t t a g c a a	3049
c c a g a t t c a t	g t a a g g a c t a	a g t g g t c c t c	a t g a a t t g c a	t t a a g a c t c t	g t a c t g c t c a	3109
t a t t a c a c t c	c a t c c t c t c t	g t a g t t t g c t	g g g t a g t g g a	g g g g g t a a g c	t a a a t c a t a g	3169
t t t c t g a c a a	t a a c t g g g a a	g g t t t t t t c t	t a a a a t a a c a	a t g g a a t t g g	t a t a a t t g g g	3229
a t t g a a a a c t	a a a a c t t g g a	a c t a a g a t a g	a g a a g a t g g a	g t g t a t g t a g	a a g g g c t g t t	3289
a a a a a t g t a a	a a c t t g g t t g	c a t t a t t t g t	g g a g g c t c a a	a c t t g t g a a g	g t t a a t a c c a	3349
t a a t t t t t c c	a t t t g t t c t g	c a t t t t g a t t	c t g a a a a g a a	a g c t g g c t t t	g c c c a t t t c t	3409
t a t t a a a a a a	a c t t g t t g t a	a a a a a a a a a a	a a a a a a a a a a	a a a a a a a a a a	a a a a a a	3465

[illegible]

85

90

95

Ser	Ala	Leu	Asp	Gly	Asp	Gln	Met	Glu	Leu	Gly	Glu	Glu	Asn	Gly	Ala
			100					105					110		

Ala	Gly	Ala	Ala	Asp	Ser	Gly	Pro	Met	Glu	Glu	Glu	Glu	Ala	Ala	Ser
		115					120					125			

Glu	Asp	Glu	Asn	Gly	Asp	Asp	Gln	Gly	Phe	Gln	Glu	Gly	Glu	Asp	Glu
	130					135					140				

Leu	Gly	Asp	Glu	Glu	Glu	Gly	Ala	Gly	Asp	Glu	Asn	Gly	His	Gly	Glu
145					150					155					160

Gln	Gln	Pro	Gln	Pro	Pro	Ala	Thr	Gln	Gln	Gln	Gln	Pro	Gln	Gln	Gln
				165					170					175	

Arg	Gly	Ala	Ala	Lys	Glu	Ala	Ala	Gly	Lys	Ser	Ser	Gly	Pro	Thr	Ser
			180					185					190		

Leu	Phe	Ala	Val	Thr	Val	Ala	Pro	Pro	Gly	Ala	Arg	Gln	Gly	Gln	Gln
		195					200					205			

Gln	Ala	Gly	Gly	Asp	Gly	Lys	Thr	Glu	Gln	Lys	Gly	Gly	Asp	Lys	Lys
	210					215					220				

Arg	Gly	Val	Lys	Arg	Pro	Arg	Glu	Asp	His	Gly	Arg	Gly	Tyr	Phe	Glu
225					230					235					240

Tyr	Ile	Glu	Glu	Asn	Lys	Tyr	Ser	Arg	Ala	Lys	Ser	Pro	Gln	Pro	Pro
				245					250					255	

Val	Glu	Glu	Glu	Asp	Glu	His	Phe	Asp	Asp	Thr	Val	Val	Cys	Leu	Asp
			260					265					270		

Thr	Tyr	Asn	Cys	Asp	Leu	His	Phe	Lys	Ile	Ser	Arg	Asp	Arg	Leu	Ser
		275					280					285			

Ala Ser Ser Leu Thr Met Glu Ser Phe Ala Phe Leu Trp Ala Gly Gly
290 295 300

Arg Ala Ser Tyr Gly Val Ser Lys Gly Lys Val Cys Phe Glu Met Lys
305 310 315 320

Val Thr Glu Lys Ile Pro Val Arg His Leu Tyr Thr Lys Asp Ile Asp
325 330 335

Ile His Glu Val Arg Ile Gly Trp Ser Leu Thr Thr Ser Gly Met Leu
340 345 350

Leu Gly Glu Glu Glu Phe Ser Tyr Gly Tyr Ser Leu Lys Gly Ile Lys
355 360 365

Thr Cys Asn Cys Glu Thr Glu Asp Tyr Gly Glu Lys Phe Asp Glu Asn
370 375 380

Asp Val Ile Thr Cys Phe Ala Asn Phe Glu Ser Asp Glu Val Glu Leu
385 390 395 400

Ser Tyr Ala Lys Asn Gly Gln Asp Leu Gly Val Ala Phe Lys Ile Ser
405 410 415

Lys Glu Val Leu Ala Gly Arg Pro Leu Phe Pro His Val Leu Cys His
420 425 430

Asn Cys Ala Val Glu Phe Asn Phe Gly Gln Lys Glu Lys Pro Tyr Phe
435 440 445

Pro Ile Pro Glu Glu Tyr Thr Phe Ile Gln Asn Val Pro Leu Glu Asp
450 455 460

Arg Val Arg Gly Pro Lys Gly Pro Glu Glu Lys Lys Asp Cys Glu Val
465 470 475 480

Val Met Met Ile Gly Leu Pro Gly Ala Gly Lys Thr Thr Trp Val Thr

485

490

495

Lys	His	Ala	Ala	Glu	Asn	Pro	Gly	Lys	Tyr	Asn	Ile	Leu	Gly	Thr	Asn
			500					505					510		

Thr	Ile	Met	Asp	Lys	Met	Met	Val	Ala	Gly	Phe	Lys	Lys	Gln	Met	Ala
		515					520					525			

Asp	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Thr	Leu	Leu	Gln	Arg	Ala	Pro	Gln	Cys	Leu
	530					535					540				

Gly	Lys	Phe	Ile	Glu	Ile	Ala	Ala	Arg	Lys	Lys	Arg	Asn	Phe	Ile	Leu
545					550					555					560

Asp	Gln	Thr	Asn	Val	Ser	Ala	Ala	Ala	Gln	Arg	Arg	Lys	Met	Cys	Leu
				565					570					575	

Phe	Ala	Gly	Phe	Gln	Arg	Lys	Ala	Val	Val	Val	Cys	Pro	Lys	Asp	Glu
			580					585						590	

Asp	Tyr	Lys	Gln	Arg	Thr	Gln	Lys	Lys	Ala	Glu	Val	Glu	Gly	Lys	Asp
		595					600					605			

Leu	Pro	Glu	His	Ala	Val	Leu	Lys	Met	Lys	Gly	Asn	Phe	Thr	Leu	Pro
	610					615					620				

Glu	Val	Ala	Glu	Cys	Phe	Asp	Glu	Ile	Thr	Tyr	Val	Glu	Leu	Gln	Lys
625					630					635					640

Glu	Glu	Ala	Gln	Lys	Leu	Leu	Glu	Gln	Tyr	Lys	Glu	Glu	Ser	Lys	Lys
				645					650					655	

Ala	Leu	Pro	Pro	Glu	Lys	Lys	Gln	Asn	Thr	Gly	Ser	Lys	Lys	Ser	Asn
			660					665						670	

Lys	Asn	Lys	Ser	Gly	Lys	Asn	Gln	Phe	Asn	Arg	Gly	Gly	Gly	His	Arg
		675					680						685		

Gly Arg Gly Gly Phe Asn Met Arg Gly Gly Asn Phe Arg Gly Gly Ala
690 695 700

Pro Gly Asn Arg Gly Gly Tyr Asn Arg Arg Gly Asn Met Pro Gln Arg
705 710 715 720

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ile Gly Tyr Pro Tyr Pro Arg
725 730 735

Ala Pro Val Phe Pro Gly Arg Gly Ser Tyr Ser Asn Arg Gly Asn Tyr
740 745 750

Asn Arg Gly Gly Met Pro Asn Arg Gly Asn Tyr Asn Gln Asn Phe Arg
755 760 765

Gly Arg Gly Asn Asn Arg Gly Tyr Lys Asn Gln Ser Gln Gly Tyr Asn
770 775 780

Gln Trp Gln Gln Gly Gln Phe Trp Gly Gln Lys Pro Trp Ser Gln His
785 790 795 800

Tyr His Gln Gly Tyr Tyr
805

<210> 21
<211> 3933
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (318)..(2861)
<223>

<400> 21
gcgagagtgg gtttggttctt gggctgcagc cgctgccgcc gcttctcgcc agcgccgttg 60
ctgcggggga ttgtgggagt ctccgcgtcc cgctcgctgg gagagaggta cctctccttt 120
tccctctccc ttccctaag agttgtctgc tggttctcag cttgaagaag attctgcagt 180

c c t t a t t g a t	c c t t t t t c t t	g g c g t t a c c a	t t t t t g a a g c	a a a g t t a a c c	t a g c t t t c t a	240
g t t t g a g c t t	t c t t t t t g g c	c g t c t t t a a a	a a a a a t t t t t	t t t t t a a t c t	a t a a a a t a g a	300
c a a g a g c t a g	t t c t a c a	a t g	t c c	a a g	t c a	350
	Met	Ser	Lys	Ser	Phe	
	1			5		10
a g g	g a c	t c a	c a g	g g t	c a t	398
Arg	Asp	Ser	Gln	Gly	His	
			15			20
c t t	c t t	g c t	g c t	g c t	a c c	446
Leu	Leu	Ala	Ala	Ala	Thr	
		30				35
a g g	a t g	a a c	c a g	g g t	a c t	494
Arg	Met	Asn	Gln	Gly	Thr	
	45				50	55
a t g	a g t	t c t	t c a	t t g	a a t	542
Met	Ser	Ser	Ser	Leu	Asn	
60					65	70
g c t	a g t	a c t	t c t	t c c	c a t	590
Ala	Ser	Thr	Ser	Ser	His	
			80			85
a g a	g g t	c c a	c t c	c c t	t t a	638
Arg	Gly	Pro	Leu	Pro	Leu	
			95			100
g c c	a g t	a a c	a t t	t t g	g c c	686
Ala	Ser	Asn	Ile	Leu	Ala	
		110				115
g a a	c t g	a g t	c g t	t a t	c c a	734
Glu	Leu	Ser	Arg	Tyr	Pro	
	125				130	135
c a a	a t c	c t t	c t a	c a g	c t t	782
Gln	Ile	Leu	Leu	Gln	Leu	
140					145	150
t t g	a g t	t a t	g g t	a g a	g a t	830
Leu	Ser	Tyr	Gly	Arg	Asp	
			160			165
a g a	g t a	c c t	a g g	g a t	g a t	878
Arg	Val	Pro	Arg	Asp	Asp	

175							180							185							
agt	ttt	gat	gat	cgt	ggg	cct	agt	ctc	aac	cca	gtg	ctt	gat	tat	gac	926					
Ser	Phe	Asp	Asp	Arg	Gly	Pro	Ser	Leu	Asn	Pro	Val	Leu	Asp	Tyr	Asp						
190							195							200							
cat	gga	agt	cgt	tct	caa	gaa	tct	ggg	tat	tat	gac	aga	atg	gat	tat	974					
His	Gly	Ser	Arg	Ser	Gln	Glu	Ser	Gly	Tyr	Tyr	Asp	Arg	Met	Asp	Tyr						
205							210							215							
gaa	gat	gac	aga	tta	aga	gat	gga	gaa	agg	tgt	agg	gat	gat	tct	ttt	1022					
Glu	Asp	Asp	Arg	Leu	Arg	Asp	Gly	Glu	Arg	Cys	Arg	Asp	Asp	Ser	Phe						
220	225							230							235						
ttt	ggg	gag	acc	tcg	cat	aac	tat	cat	aaa	ttt	gac	agt	gag	tat	gag	1070					
Phe	Gly	Glu	Thr	Ser	His	Asn	Tyr	His	Lys	Phe	Asp	Ser	Glu	Tyr	Glu						
240							245							250							
aga	atg	gga	cgt	ggg	cct	ggc	ccc	tta	caa	gag	aga	tct	ctc	ttt	gag	1118					
Arg	Met	Gly	Arg	Gly	Pro	Gly	Pro	Leu	Gln	Glu	Arg	Ser	Leu	Phe	Glu						
255							260							265							
aaa	aag	aga	ggc	gct	cct	cca	agt	agc	aat	att	gaa	gac	ttc	cat	gga	1166					
Lys	Lys	Arg	Gly	Ala	Pro	Pro	Ser	Ser	Asn	Ile	Glu	Asp	Phe	His	Gly						
270							275							280							
ctc	tta	ccg	aag	ggg	tat	ccc	cat	ctg	tgc	tct	ata	tgt	gat	ttg	cca	1214					
Leu	Leu	Pro	Lys	Gly	Tyr	Pro	His	Leu	Cys	Ser	Ile	Cys	Asp	Leu	Pro						
285							290							295							
gtt	cat	tct	aat	aag	gag	tgg	agt	caa	cat	atc	aat	gga	gca	agt	cac	1262					
Val	His	Ser	Asn	Lys	Glu	Trp	Ser	Gln	His	Ile	Asn	Gly	Ala	Ser	His						
300	305							310							315						
agt	cgt	cga	tgc	cag	ctt	ctt	ctt	gaa	atc	tac	cca	gaa	tgg	aat	cct	1310					
Ser	Arg	Arg	Cys	Gln	Leu	Leu	Leu	Glu	Ile	Tyr	Pro	Glu	Trp	Asn	Pro						
320							325							330							
gac	aat	gat	aca	gga	cac	aca	atg	ggg	gat	cca	ttc	atg	ttg	cag	cag	1358					
Asp	Asn	Asp	Thr	Gly	His	Thr	Met	Gly	Asp	Pro	Phe	Met	Leu	Gln	Gln						
335							340							345							
tct	aca	aat	cca	gca	cca	gga	att	ctg	gga	cct	cca	cct	ccc	tca	ttt	1406					
Ser	Thr	Asn	Pro	Ala	Pro	Gly	Ile	Leu	Gly	Pro	Pro	Pro	Pro	Ser	Phe						
350							355							360							
cat	ctt	ggg	gga	cca	gca	gtt	gga	cca	aga	gga	aat	ctg	ggg	gct	gga	1454					
His	Leu	Gly	Gly	Pro	Ala	Val	Gly	Pro	Arg	Gly	Asn	Leu	Gly	Ala	Gly						
365							370							375							

aat	gga	aac	ctg	caa	gga	cct	aga	cac	atg	cag	aaa	ggc	aga	gtg	gaa	1502
Asn	Gly	Asn	Leu	Gln	Gly	Pro	Arg	His	Met	Gln	Lys	Gly	Arg	Val	Glu	
380					385					390					395	
act	agc	aga	gtt	gtt	cac	atc	atg	gat	ttt	caa	cga	ggg	aaa	aac	ttg	1550
Thr	Ser	Arg	Val	Val	His	Ile	Met	Asp	Phe	Gln	Arg	Gly	Lys	Asn	Leu	
				400					405					410		
aga	tac	cag	cta	tta	cag	ctg	gta	gaa	cca	ttt	gga	gtc	att	tca	aat	1598
Arg	Tyr	Gln	Leu	Leu	Gln	Leu	Val	Glu	Pro	Phe	Gly	Val	Ile	Ser	Asn	
			415					420					425			
cat	ctg	att	cta	aat	aaa	att	aat	gag	gca	ttt	att	gaa	atg	gca	acc	1646
His	Leu	Ile	Leu	Asn	Lys	Ile	Asn	Glu	Ala	Phe	Ile	Glu	Met	Ala	Thr	
		430					435					440				
aca	gag	gat	gct	cag	gcc	gca	gtg	gat	tat	tac	aca	acc	aca	cca	gcg	1694
Thr	Glu	Asp	Ala	Gln	Ala	Ala	Val	Asp	Tyr	Tyr	Thr	Thr	Thr	Pro	Ala	
	445					450					455					
tta	gta	ttt	ggc	aag	cca	gtg	aga	gtt	cat	tta	tcc	cag	aag	tat	aaa	1742
Leu	Val	Phe	Gly	Lys	Pro	Val	Arg	Val	His	Leu	Ser	Gln	Lys	Tyr	Lys	
460					465					470					475	
aga	ata	aag	aaa	cct	gaa	gga	aag	cca	gat	cag	aag	ttt	gat	caa	aag	1790
Arg	Ile	Lys	Lys	Pro	Glu	Gly	Lys	Pro	Asp	Gln	Lys	Phe	Asp	Gln	Lys	
				480					485					490		
caa	gag	ctt	gga	cgt	gtg	ata	cat	ctc	agc	aat	ttg	ccg	cat	tct	ggc	1838
Gln	Glu	Leu	Gly	Arg	Val	Ile	His	Leu	Ser	Asn	Leu	Pro	His	Ser	Gly	
			495					500					505			
tat	tct	gat	agt	gct	gtt	ctc	aag	ctt	gct	gag	cct	tat	ggg	aaa	ata	1886
Tyr	Ser	Asp	Ser	Ala	Val	Leu	Lys	Leu	Ala	Glu	Pro	Tyr	Gly	Lys	Ile	
		510					515				520					
aag	aat	tac	ata	ttg	atg	agg	atg	aaa	agt	cag	gct	ttt	att	gag	atg	1934
Lys	Asn	Tyr	Ile	Leu	Met	Arg	Met	Lys	Ser	Gln	Ala	Phe	Ile	Glu	Met	
	525					530				535						
gag	aca	aga	gaa	gat	gca	atg	gca	atg	gtt	gac	cat	tgt	ttg	aaa	aaa	1982
Glu	Thr	Arg	Glu	Asp	Ala	Met	Ala	Met	Val	Asp	His	Cys	Leu	Lys	Lys	
540					545					550					555	
gcc	ctt	tgg	ttt	cag	ggg	aga	tgt	gtg	aag	gtt	gac	ctg	tct	gag	aaa	2030
Ala	Leu	Trp	Phe	Gln	Gly	Arg	Cys	Val	Lys	Val	Asp	Leu	Ser	Glu	Lys	
				560					565					570		
tat	aaa	aaa	ctg	gtt	ctg	agg	att	cca	aac	aga	ggc	att	gat	tta	ctg	2078
Tyr	Lys	Lys	Leu	Val	Leu	Arg	Ile	Pro	Asn	Arg	Gly	Ile	Asp	Leu	Leu	

575						580						585						
aaa Lys	aaa Lys	gat Asp 590	aaa Lys	tcc Ser	cga Arg	aaa Lys	aga Arg 595	tct Ser	tac Tyr	tct Ser	cca Pro	gat Asp 600	ggc Gly	aaa Lys	gaa Glu	2126		
tct Ser	cca Pro 605	agt Ser	gat Asp	aag Lys	aaa Lys	tcc Ser 610	aaa Lys	act Thr	gat Asp	ggg Gly	tcc Ser 615	cag Gln	aag Lys	act Thr	gag Glu	2174		
agt Ser 620	tca Ser	acc Thr	gaa Glu	ggg Gly	aaa Lys 625	gaa Glu	caa Gln	gaa Glu	gag Glu	aag Lys 630	tcc Ser	ggg Gly	gaa Glu	gat Asp	ggg Gly 635	2222		
gag Glu	aaa Lys	gac Asp	aca Thr 640	aag Lys	gat Asp	gac Asp	cag Gln	aca Thr 645	gag Glu	cag Gln	gaa Glu	cct Pro	aat Asn 650	atg Met	ctt Leu	2270		
ctt Leu	gaa Glu	tct Ser 655	gaa Glu	gat Asp	gag Glu	cta Leu	ctt Leu 660	gta Val	gat Asp	gaa Glu	gaa Glu	gaa Glu	gca Ala 665	gca Ala	gca Ala	2318		
ctg Leu	cta Leu 670	gaa Glu	agt Ser	ggc Gly	agt Ser	tca Ser 675	gtg Val 675	gga Gly	gac Asp	gag Glu	acc Thr 680	gat Asp 680	ctt Leu	gct Ala	aat Asn	2366		
tta Leu 685	ggg Gly 685	gat Asp	gtg Val	gct Ala	tct Ser	gat Asp 690	ggg Gly	aaa Lys	aag Lys	gaa Glu	cca Pro 695	tca Ser	gat Asp	aaa Lys	gct Ala	2414		
gtg Val 700	aaa Lys	aaa Lys	gat Asp	gga Gly	agt Ser 705	gct Ala	tca Ser	gca Ala	gca Ala	gca Ala 710	aag Lys	aaa Lys	aag Lys	ctt Leu	aaa Lys 715	2462		
aag Lys	gtg Val	gac Asp	aag Lys	atc Ile 720	gag Glu	gaa Glu	ctt Leu	gat Asp	caa Gln 725	gaa Glu	aac Asn	gaa Glu	gca Ala 730	gcg Ala	ttg Leu	2510		
gaa Glu	aat Asn	gga Gly	att Ile 735	aaa Lys	aat Asn	gag Glu	gaa Glu	aac Asn 740	aca Thr	gaa Glu	cca Pro	ggg Gly	gct Ala 745	gaa Glu	tct Ser	2558		
tct Ser	gag Glu 750	aac Asn	gct Ala	gat Asp	gat Asp	ccc Pro	aac Asn 755	aaa Lys	gat Asp	aca Thr	agt Ser 760	gaa Glu	aac Asn	gca Ala	gat Asp	2606		
ggg Gly 765	caa Gln 765	agt Ser	gat Asp	gag Glu	aac Asn 770	aag Lys	gac Asp	gac Asp	tat Tyr	aca Thr	atc Ile 775	cca Pro	gat Asp	gag Glu	tat Tyr	2654		

aga att gga cca tat cag ccc aat gtt cct gtt ggt ata gac tat gtg	2702
Arg Ile Gly Pro Tyr Gln Pro Asn Val Pro Val Gly Ile Asp Tyr Val	
780 785 790 795	
ata cct aaa aca ggg ttt tac tgt aag ctg tgt tca ctc ttt tat aca	2750
Ile Pro Lys Thr Gly Phe Tyr Cys Lys Leu Cys Ser Leu Phe Tyr Thr	
800 805 810	
aat gaa gaa gtt gca aag aat act cat tgc agc agc ctt cct cat tat	2798
Asn Glu Glu Val Ala Lys Asn Thr His Cys Ser Ser Leu Pro His Tyr	
815 820 825	
cag aaa tta aag aaa ttt ctg aat aaa ttg gca gaa gaa cgc aga cag	2846
Gln Lys Leu Lys Lys Phe Leu Asn Lys Leu Ala Glu Glu Arg Arg Gln	
830 835 840	
aag aag gaa act taa gatgtgcaag gagattttaat gattttcaaag aaaataatgg	2901
Lys Lys Glu Thr	
845	
ttcttttgttt ttaatgttaa cctttttttaa atacaatact gatagttaga agaaaaactat	2961
tgtactcttt tgtttttagtg gagaaataaat agatgtctgt tcatgtgtta agtgttatag	3021
caaaaaaaaaat acacatatgg ttaagttaaat gaatagtttt tgtttttatca gaatggcaac	3081
agacagaagt actttgtaga gattgacttc ctaagctact taagacaact tgcaccacta	3141
agaaaaaaaaat gtagaaccat ttggaaaaaat gaaatttagt agttccaagt ttcaaagaaa	3201
tgtcaacatt ttattccatt caataaagaa caaaaccaat agtgtttttta ttactttcat	3261
ctgaaacatt ccatgtttta atctgagcct tgcagacttt catttggagt ttgaaccctgt	3321
tttggttgca tttcattttt ggagaaactta attaacgtga gattggcaat tgaaatgcag	3381
gtgcagtttt ctgttaaatgt catgctgttg tttaggtaaat aagaaatat t aagtaattgg	3441
cttttagattt tgtaattttt ttccctgagt tcctgctaga ttctgtattc tagtagtcaa	3501
tgtatttttca gtgaaatgca aaaatat tcc cgttatcttt gaccagtatt aattttttgag	3561
atcttactgc ttgtcacttg aatcccgtga ttgtcataca tctctggtat aagcaacatt	3621
tgattttttga agtggtgtaga ccatctcttc atattttcaa gatgtaattt tacattttctg	3681
cattttttaa acagtttggc cataatecta gatgcacgct tctaattcat gtacctgcac	3741
atgtgacctt tgtgaacaga aatttgcatg tataattttgt gtttacttgt aactttctgg	3801

ttatatactg cttatatctg tggattcaag ttactgaagt gaataccaat aaaaagaaaa 3861

ccctaggcca tgtttaattgg ttatacatgt ttggaatggt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3921

aaaaaaaaaa aa 3933

<210> 22

<211> 847

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 22

Met Ser Lys Ser Phe Gln Gln Ser Ser Leu Ser Arg Asp Ser Gln Gly
1 5 10 15

His Gly Arg Asp Leu Ser Ala Ala Gly Ile Gly Leu Leu Ala Ala Ala
20 25 30

Thr Gln Ser Leu Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly Arg Met Asn Gln Gly
35 40 45

Thr Ala Arg Leu Ala Ser Leu Met Asn Leu Gly Met Ser Ser Ser Leu
50 55 60

Asn Gln Gln Gly Ala His Ser Ala Leu Ser Ser Ala Ser Thr Ser Ser
65 70 75 80

His Asn Leu Gln Ser Ile Phe Asn Ile Gly Ser Arg Gly Pro Leu Pro
85 90 95

Leu Ser Ser Gln His Arg Gly Asp Ala Asp Gln Ala Ser Asn Ile Leu
100 105 110

Ala Ser Phe Gly Leu Ser Ala Arg Asp Leu Asp Glu Leu Ser Arg Tyr
115 120 125

Pro Glu Asp Lys Ile Thr Pro Glu Asn Leu Pro Gln Ile Leu Leu Gln
130 135 140

Leu 145	Lys	Arg	Arg	Arg	Thr 150	Glu	Glu	Gly	Pro	Thr 155	Leu	Ser	Tyr	Gly	Arg 160
Asp	Gly	Arg	Ser	Ala 165	Thr	Arg	Glu	Pro	Pro	Tyr	Arg	Val	Pro	Arg	Asp 175
Asp	Trp	Glu	Glu	Lys	Arg	His	Phe	Arg	Arg	Asp	Ser	Phe	Asp	Asp	Arg 190
Gly	Pro	Ser	Leu	Asn	Pro	Val	Leu	Asp	Tyr	Asp	His	Gly	Ser	Arg	Ser 205
Gln	Glu	Ser	Gly	Tyr	Tyr	Asp	Arg	Met	Asp	Tyr	Glu	Asp	Asp	Arg	Leu 220
Arg 225	Asp	Gly	Glu	Arg	Cys 230	Arg	Asp	Asp	Ser	Phe	Phe	Gly	Glu	Thr	Ser 240
His	Asn	Tyr	His	Lys 245	Phe	Asp	Ser	Glu	Tyr	Glu	Arg	Met	Gly	Arg	Gly 255
Pro	Gly	Pro	Leu	Gln	Glu	Arg	Ser	Leu	Phe	Glu	Lys	Lys	Arg	Gly	Ala 270
Pro	Pro	Ser	Ser	Asn	Ile	Glu	Asp	Phe	His	Gly	Leu	Leu	Pro	Lys	Gly 285
Tyr	Pro	His	Leu	Cys	Ser	Ile	Cys	Asp	Leu	Pro	Val	His	Ser	Asn	Lys 300
Glu 305	Trp	Ser	Gln	His	Ile 310	Asn	Gly	Ala	Ser	His	Ser	Arg	Arg	Cys	Gln 320
Leu	Leu	Leu	Glu	Ile 325	Tyr	Pro	Glu	Trp	Asn	Pro	Asp	Asn	Asp	Thr	Gly 335
His	Thr	Met	Gly	Asp	Pro	Phe	Met	Leu	Gln	Gln	Ser	Thr	Asn	Pro	Ala 350

Pro	Gly	Ile	Leu	Gly	Pro	Pro	Pro	Pro	Ser	Phe	His	Leu	Gly	Gly	Pro			
		355					360					365						
Ala	Val	Gly	Pro	Arg	Gly	Asn	Leu	Gly	Ala	Gly	Asn	Gly	Asn	Leu	Gln			
	370					375					380							
Gly	Pro	Arg	His	Met	Gln	Lys	Gly	Arg	Val	Glu	Thr	Ser	Arg	Val	Val			
385					390					395					400			
His	Ile	Met	Asp	Phe	Gln	Arg	Gly	Lys	Asn	Leu	Arg	Tyr	Gln	Leu	Leu			
				405					410					415				
Gln	Leu	Val	Glu	Pro	Phe	Gly	Val	Ile	Ser	Asn	His	Leu	Ile	Leu	Asn			
			420					425					430					
Lys	Ile	Asn	Glu	Ala	Phe	Ile	Glu	Met	Ala	Thr	Thr	Glu	Asp	Ala	Gln			
		435					440					445						
Ala	Ala	Val	Asp	Tyr	Tyr	Thr	Thr	Thr	Pro	Ala	Leu	Val	Phe	Gly	Lys			
	450					455					460							
Pro	Val	Arg	Val	His	Leu	Ser	Gln	Lys	Tyr	Lys	Arg	Ile	Lys	Lys	Pro			
465					470					475					480			
Glu	Gly	Lys	Pro	Asp	Gln	Lys	Phe	Asp	Gln	Lys	Gln	Glu	Leu	Gly	Arg			
				485					490					495				
Val	Ile	His	Leu	Ser	Asn	Leu	Pro	His	Ser	Gly	Tyr	Ser	Asp	Ser	Ala			
			500					505					510					
Val	Leu	Lys	Leu	Ala	Glu	Pro	Tyr	Gly	Lys	Ile	Lys	Asn	Tyr	Ile	Leu			
		515				520						525						
Met	Arg	Met	Lys	Ser	Gln	Ala	Phe	Ile	Glu	Met	Glu	Thr	Arg	Glu	Asp			
	530					535					540							

Ala	Met	Ala	Met	Val	Asp	His	Cys	Leu	Lys	Lys	Ala	Leu	Trp	Phe	Gln
545					550					555					560

Gly	Arg	Cys	Val	Lys	Val	Asp	Leu	Ser	Glu	Lys	Tyr	Lys	Lys	Leu	Val
				565					570					575	

Leu	Arg	Ile	Pro	Asn	Arg	Gly	Ile	Asp	Leu	Leu	Lys	Lys	Asp	Lys	Ser
			580					585					590		

Arg	Lys	Arg	Ser	Tyr	Ser	Pro	Asp	Gly	Lys	Glu	Ser	Pro	Ser	Asp	Lys
		595					600					605			

Lys	Ser	Lys	Thr	Asp	Gly	Ser	Gln	Lys	Thr	Glu	Ser	Ser	Thr	Glu	Gly
	610					615					620				

Lys	Glu	Gln	Glu	Glu	Lys	Ser	Gly	Glu	Asp	Gly	Glu	Lys	Asp	Thr	Lys
625					630					635					640

Asp	Asp	Gln	Thr	Glu	Gln	Glu	Pro	Asn	Met	Leu	Leu	Glu	Ser	Glu	Asp
				645					650					655	

Glu	Leu	Leu	Val	Asp	Glu	Glu	Glu	Ala	Ala	Ala	Leu	Leu	Glu	Ser	Gly
			660					665					670		

Ser	Ser	Val	Gly	Asp	Glu	Thr	Asp	Leu	Ala	Asn	Leu	Gly	Asp	Val	Ala
		675					680					685			

Ser	Asp	Gly	Lys	Lys	Glu	Pro	Ser	Asp	Lys	Ala	Val	Lys	Lys	Asp	Gly
	690					695					700				

Ser	Ala	Ser	Ala	Ala	Ala	Lys	Lys	Lys	Leu	Lys	Lys	Val	Asp	Lys	Ile
705					710					715					720

Glu	Glu	Leu	Asp	Gln	Glu	Asn	Glu	Ala	Ala	Leu	Glu	Asn	Gly	Ile	Lys
				725					730					735	

Asn	Glu	Glu	Asn	Thr	Glu	Pro	Gly	Ala	Glu	Ser	Ser	Glu	Asn	Ala	Asp
			740					745					750		

Asp Pro Asn Lys Asp Thr Ser Glu Asn Ala Asp Gly Gln Ser Asp Glu
755 760 765

Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Ile Pro Asp Glu Tyr Arg Ile Gly Pro Tyr
770 775 780

Gln Pro Asn Val Pro Val Gly Ile Asp Tyr Val Ile Pro Lys Thr Gly
785 790 795 800

Phe Tyr Cys Lys Leu Cys Ser Leu Phe Tyr Thr Asn Glu Glu Val Ala
805 810 815

Lys Asn Thr His Cys Ser Ser Leu Pro His Tyr Gln Lys Leu Lys Lys
820 825 830

Phe Leu Asn Lys Leu Ala Glu Glu Arg Arg Gln Lys Lys Glu Thr
835 840 845

<210> 23
<211> 1339
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (47)..(1018)
<223>

<400> 23
gaattccgat tagtgtgata tcagctcaag gcaaagggtgg gatatac atg gca tct 55
Met Ala Ser
1

atc tgg gtt gga cac cga gga aca gta aga gat tat cca gac ttt agc 103
Ile Trp Val Gly His Arg Gly Thr Val Arg Asp Tyr Pro Asp Phe Ser
5 10 15

cca tca gtg gat gct gaa gct att cag aaa gca atc aga gga att gga 151
Pro Ser Val Asp Ala Glu Ala Ile Gln Lys Ala Ile Arg Gly Ile Gly
20 25 30 35

act gat gag aaa atg ctc atc agc att ctg act gag agg tca aat gca 199

Thr	Asp	Glu	Lys	Met	Leu	Ile	Ser	Ile	Leu	Thr	Glu	Arg	Ser	Asn	Ala	
				40					45					50		
cag	cgg	cag	ctg	att	gtt	aag	gaa	tat	caa	gca	gca	tat	gga	aag	gag	247
Gln	Arg	Gln	Leu	Ile	Val	Lys	Glu	Tyr	Gln	Ala	Ala	Tyr	Gly	Lys	Glu	
			55					60					65			
ctg	aaa	gat	gac	ttg	aag	ggt	gat	ctc	tct	ggc	cac	ttt	gag	cat	ctc	295
Leu	Lys	Asp	Asp	Leu	Lys	Gly	Asp	Leu	Ser	Gly	His	Phe	Glu	His	Leu	
		70					75					80				
atg	gtg	gcc	cta	gtg	act	cca	cca	gca	gtc	ttt	gat	gca	aag	cag	cta	343
Met	Val	Ala	Leu	Val	Thr	Pro	Pro	Ala	Val	Phe	Asp	Ala	Lys	Gln	Leu	
	85					90					95					
aag	aaa	tcc	atg	aag	ggc	gcg	gga	aca	aac	gaa	gat	gcc	ttg	att	gaa	391
Lys	Lys	Ser	Met	Lys	Gly	Ala	Gly	Thr	Asn	Glu	Asp	Ala	Leu	Ile	Glu	
100					105					110					115	
atc	tta	act	acc	agg	aca	agc	agg	caa	atg	aag	gat	atc	tct	caa	gcc	439
Ile	Leu	Thr	Thr	Arg	Thr	Ser	Arg	Gln	Met	Lys	Asp	Ile	Ser	Gln	Ala	
				120					125					130		
tat	tat	aca	gta	tac	aag	aag	agt	ctt	gga	gat	gac	att	agt	tcc	gaa	487
Tyr	Tyr	Thr	Val	Tyr	Lys	Lys	Ser	Leu	Gly	Asp	Asp	Ile	Ser	Ser	Glu	
			135					140					145			
aca	tct	ggt	gac	ttc	cgg	aaa	gct	ctg	ttg	act	ttg	gca	gat	ggc	aga	535
Thr	Ser	Gly	Asp	Phe	Arg	Lys	Ala	Leu	Leu	Thr	Leu	Ala	Asp	Gly	Arg	
		150					155					160				
aga	gat	gaa	agt	ctg	aaa	gtg	gat	gag	cat	ctg	gcc	aaa	caa	gat	gcc	583
Arg	Asp	Glu	Ser	Leu	Lys	Val	Asp	Glu	His	Leu	Ala	Lys	Gln	Asp	Ala	
	165					170					175					
cag	att	ctc	tat	aaa	gct	ggt	gag	aac	aga	tgg	ggc	acg	gat	gaa	gac	631
Gln	Ile	Leu	Tyr	Lys	Ala	Gly	Glu	Asn	Arg	Trp	Gly	Thr	Asp	Glu	Asp	
180					185					190					195	
aaa	ttc	act	gag	atc	ctg	tgt	tta	agg	agc	ttt	cct	caa	tta	aaa	cta	679
Lys	Phe	Thr	Glu	Ile	Leu	Cys	Leu	Arg	Ser	Phe	Pro	Gln	Leu	Lys	Leu	
				200					205					210		
aca	ttt	gat	gaa	tac	aga	aat	atc	agc	caa	aag	gac	att	gtg	gac	agc	727
Thr	Phe	Asp	Glu	Tyr	Arg	Asn	Ile	Ser	Gln	Lys	Asp	Ile	Val	Asp	Ser	
			215					220					225			
ata	aaa	gga	gaa	tta	tct	ggg	cat	ttt	gaa	gac	tta	ctg	ttg	gcc	ata	775
Ile	Lys	Gly	Glu	Leu	Ser	Gly	His	Phe	Glu	Asp	Leu	Leu	Leu	Ala	Ile	
		230					235					240				

gtt aat tgt gtg agg aac acg ccg gcc ttt tta gcc gaa aga ctg cat 823
Val Asn Cys Val Arg Asn Thr Pro Ala Phe Leu Ala Glu Arg Leu His
245 250 255

cga gcc ttg aag ggt att gga act gat gag ttt act ctg aac cga ata 871
Arg Ala Leu Lys Gly Ile Gly Thr Asp Glu Phe Thr Leu Asn Arg Ile
260 265 270 275

atg gtg tcc aga tca gaa att gac ctt ttg gac att cga aca gag ttc 919
Met Val Ser Arg Ser Glu Ile Asp Leu Leu Asp Ile Arg Thr Glu Phe
280 285 290

aag aag cat tat ggc tat tcc cta tat tca gca att aaa tcg gat act 967
Lys Lys His Tyr Gly Tyr Ser Leu Tyr Ser Ala Ile Lys Ser Asp Thr
295 300 305

tct gga gac tat gaa atc aca ctc tta aaa atc tgt ggt gga gat gac 1015
Ser Gly Asp Tyr Glu Ile Thr Leu Lys Ile Cys Gly Gly Asp Asp
310 315 320

tga accaagaaga taatctccaa aggtccacga tgggctttcc caacagctcc 1068

accttacttc ttctcatact atttaagaga acaagcaa ataaacagca acttgtgttc 1128

ctaacaggaa ttttcattgt tctataacaa caacaacaaa agcgattatt attttagagc 1188

atctcattta taatgtagca gctcataaat gaaattgaaa atgggtattaa agatctgcaa 1248

ctactatcca acttataatt ctgctttcaa agttaagaat ctttatagtt ctactccatt 1308

aaatataaag caagataata aaacggaatt c 1339

<210> 24
<211> 323
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 24

Met Ala Ser Ile Trp Val Gly His Arg Gly Thr Val Arg Asp Tyr Pro
1 5 10 15

Asp Phe Ser Pro Ser Val Asp Ala Glu Ala Ile Gln Lys Ala Ile Arg
20 25 30

Gly Ile Gly Thr Asp Glu Lys Met Leu Ile Ser Ile Leu Thr Glu Arg

35

40

45

Ser	Asn	Ala	Gln	Arg	Gln	Leu	Ile	Val	Lys	Glu	Tyr	Gln	Ala	Ala	Tyr
50						55					60				

Gly	Lys	Glu	Leu	Lys	Asp	Asp	Leu	Lys	Gly	Asp	Leu	Ser	Gly	His	Phe
65					70					75					80

Glu	His	Leu	Met	Val	Ala	Leu	Val	Thr	Pro	Pro	Ala	Val	Phe	Asp	Ala
			85						90					95	

Lys	Gln	Leu	Lys	Lys	Ser	Met	Lys	Gly	Ala	Gly	Thr	Asn	Glu	Asp	Ala
			100					105						110	

Leu	Ile	Glu	Ile	Leu	Thr	Thr	Arg	Thr	Ser	Arg	Gln	Met	Lys	Asp	Ile
		115					120					125			

Ser	Gln	Ala	Tyr	Tyr	Thr	Val	Tyr	Lys	Lys	Ser	Leu	Gly	Asp	Asp	Ile
	130					135					140				

Ser	Ser	Glu	Thr	Ser	Gly	Asp	Phe	Arg	Lys	Ala	Leu	Leu	Thr	Leu	Ala
145					150					155					160

Asp	Gly	Arg	Arg	Asp	Glu	Ser	Leu	Lys	Val	Asp	Glu	His	Leu	Ala	Lys
				165					170					175	

Gln	Asp	Ala	Gln	Ile	Leu	Tyr	Lys	Ala	Gly	Glu	Asn	Arg	Trp	Gly	Thr
			180					185						190	

Asp	Glu	Asp	Lys	Phe	Thr	Glu	Ile	Leu	Cys	Leu	Arg	Ser	Phe	Pro	Gln
		195					200					205			

Leu	Lys	Leu	Thr	Phe	Asp	Glu	Tyr	Arg	Asn	Ile	Ser	Gln	Lys	Asp	Ile
	210					215					220				

Val	Asp	Ser	Ile	Lys	Gly	Glu	Leu	Ser	Gly	His	Phe	Glu	Asp	Leu	Leu
225					230					235					240

Leu Ala Ile Val Asn Cys Val Arg Asn Thr Pro Ala Phe Leu Ala Glu
245 250 255

Arg Leu His Arg Ala Leu Lys Gly Ile Gly Thr Asp Glu Phe Thr Leu
260 265 270

Asn Arg Ile Met Val Ser Arg Ser Glu Ile Asp Leu Leu Asp Ile Arg
275 280 285

Thr Glu Phe Lys Lys His Tyr Gly Tyr Ser Leu Tyr Ser Ala Ile Lys
290 295 300

Ser Asp Thr Ser Gly Asp Tyr Glu Ile Thr Leu Leu Lys Ile Cys Gly
305 310 315 320

Gly Asp Asp

<210> 25
<211> 1659
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (152)..(1201)
<223>

<400> 25
gctggggggcgg ggtcctgcgg caccgccccgg gaagctgcgc gagggtcgac agcctccgcc 60
acatcctcca cctctcttgg tccagcgcgc gttgccggggc cagggtcaag cggaggggctc 120
cgacggcgcg gacggagcga agcgccgcgc c atg gcg cac caa acg ggc atc 172
Met Ala His Gln Thr Gly Ile
1 5

cac gcc acg gaa gag ctg aag gaa ttc ttt gcc aag gca cgg gct ggc 220
His Ala Thr Glu Glu Leu Lys Glu Phe Phe Ala Lys Ala Arg Ala Gly
10 15 20

tct gtg cgg ctc atc aag gtt gtg att gag gac gag cag ctc gtg ctg 268
Ser Val Arg Leu Ile Lys Val Val Ile Glu Asp Glu Gln Leu Val Leu

25						30						35						
ggt	gcc	tcg	cag	gag	cca	gta	ggc	cgc	tgg	gat	cag	gac	tat	gac	agg			316
Gly	Ala	Ser	Gln	Glu	Pro	Val	Gly	Arg	Trp	Asp	Gln	Asp	Tyr	Asp	Arg			
40					45					50					55			
gcc						gtg						ctg						364
Ala	Val	Leu	Pro	Leu	Leu	Asp	Ala	Gln	Gln	Pro	Cys	Tyr	Leu	Leu	Tyr			
				60					65					70				
cgc						ctc						gac						412
Arg	Leu	Asp	Ser	Gln	Asn	Ala	Gln	Gly	Phe	Glu	Trp	Leu	Phe	Leu	Ala			
			75					80					85					
tgg						tcg						cct						460
Trp	Ser	Pro	Asp	Asn	Ser	Pro	Val	Arg	Leu	Lys	Met	Leu	Tyr	Ala	Ala			
		90					95					100						
acg						cgg						gcc						508
Thr	Arg	Ala	Thr	Val	Lys	Lys	Glu	Phe	Gly	Gly	Gly	His	Ile	Lys	Asp			
	105						110				115							
gag						ctc						ttc						556
Glu	Leu	Phe	Gly	Thr	Val	Lys	Asp	Asp	Leu	Ser	Phe	Ala	Gly	Tyr	Gln			
120					125				130						135			
aaa						cac						ctg						604
Lys	His	Leu	Ser	Ser	Cys	Ala	Ala	Pro	Ala	Pro	Leu	Thr	Ser	Ala	Glu			
				140					145					150				
aga						gag						ctc						652
Arg	Glu	Leu	Gln	Gln	Ile	Arg	Ile	Asn	Glu	Val	Lys	Thr	Glu	Ile	Ser			
			155					160					165					
gtg						gaa						agc						700
Val	Glu	Ser	Lys	His	Gln	Thr	Leu	Gln	Gly	Leu	Ala	Phe	Pro	Leu	Gln			
		170					175					180						
cct						gag						gcc						748
Pro	Glu	Ala	Gln	Arg	Ala	Leu	Gln	Gln	Leu	Lys	Gln	Lys	Met	Val	Asn			
	185						190				195							
tac						atc						cag						796
Tyr	Ile	Gln	Met	Lys	Leu	Asp	Leu	Glu	Arg	Glu	Thr	Ile	Glu	Leu	Val			
200					205				210						215			
cac						aca						gag						844
His	Thr	Glu	Pro	Thr	Asp	Val	Ala	Gln	Leu	Pro	Ser	Arg	Val	Pro	Arg			
				220					225					230				

gat	gct	gcc	cgc	tac	cac	ttc	ttc	ctc	tac	aag	cac	acc	cat	gag	ggc	892
Asp	Ala	Ala	Arg	Tyr	His	Phe	Phe	Leu	Tyr	Lys	His	Thr	His	Glu	Gly	
		235						240						245		
gac	ccc	ctt	gag	tct	gta	gtg	ttc	atc	tac	tcc	atg	ccg	ggg	tac	aag	940
Asp	Pro	Leu	Glu	Ser	Val	Val	Phe	Ile	Tyr	Ser	Met	Pro	Gly	Tyr	Lys	
		250					255					260				
tgc	agc	atc	aag	gag	cga	atg	ctc	tac	tcc	agc	tgc	aag	agc	cgc	ctc	988
Cys	Ser	Ile	Lys	Glu	Arg	Met	Leu	Tyr	Ser	Ser	Cys	Lys	Ser	Arg	Leu	
	265					270					275					
ctc	gac	tcc	gtg	gag	cag	gac	ttc	cat	ctg	gag	atc	gcc	aag	aaa	att	1036
Leu	Asp	Ser	Val	Glu	Gln	Asp	Phe	His	Leu	Glu	Ile	Ala	Lys	Lys	Ile	
280					285					290					295	
gag	att	ggc	gat	ggg	gca	gag	ctg	acg	gca	gag	ttc	ctc	tac	gac	gag	1084
Glu	Ile	Gly	Asp	Gly	Ala	Glu	Leu	Thr	Ala	Glu	Phe	Leu	Tyr	Asp	Glu	
				300					305					310		
gtg	cac	ccc	aag	caa	cac	gcc	ttc	aag	cag	gcc	ttc	gcc	aag	ccc	aag	1132
Val	His	Pro	Lys	Gln	His	Ala	Phe	Lys	Gln	Ala	Phe	Ala	Lys	Pro	Lys	
			315					320					325			
ggc	cca	ggg	ggc	aag	cgg	ggc	cat	aag	cgc	ctc	atc	cgc	ggc	ccg	ggt	1180
Gly	Pro	Gly	Gly	Lys	Arg	Gly	His	Lys	Arg	Leu	Ile	Arg	Gly	Pro	Gly	
		330					335					340				
gaa	aat	ggg	gat	gac	agc	tag	gaggctggag	caggggccggc	cacgtgtgga							1231
Glu	Asn	Gly	Asp	Asp	Ser											
	345															
ctgtggggct	gcccaccttc	cgtccctgc	caccatcctc	cttcctgggc	tccaggaaag											1291
tgtttctggg	aggtcaggag	ggctggcagc	tgaacgcact	tgcagcgtcc	gagggccacc											1351
gggctggcat	tttgtgaccc	ttccctgttg	ctgtccctgc	atctcgtctg	tgtgcccagg											1411
gtgtccgggg	accctgcctg	gctggcttaa	gggggctggg	tcaggggcct	ggcatgaacc											1471
tggcctcccg	gggagctgag	actaggggtcc	cagcacagcc	cagaaacctt	tggccacaag											1531
aagtgggggtc	agtcaggggct	ggggcagggg	tcactgcagt	ttggggatggt	tgaatgctgt											1591
at t t t t c t a a a	g a a t a a a a t a	t t t t t t a a a t c	a a g a a a a a a a a	a a a a a a a a a a a	a a a a a a a a a a a											1651
a a a a a a a a a																1659

<211> 349
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 26

Met Ala His Gln Thr Gly Ile His Ala Thr Glu Glu Leu Lys Glu Phe
1 5 10 15

Phe Ala Lys Ala Arg Ala Gly Ser Val Arg Leu Ile Lys Val Val Ile
20 25 30

Glu Asp Glu Gln Leu Val Leu Gly Ala Ser Gln Glu Pro Val Gly Arg
35 40 45

Trp Asp Gln Asp Tyr Asp Arg Ala Val Leu Pro Leu Leu Asp Ala Gln
50 55 60

Gln Pro Cys Tyr Leu Leu Tyr Arg Leu Asp Ser Gln Asn Ala Gln Gly
65 70 75 80

Phe Glu Trp Leu Phe Leu Ala Trp Ser Pro Asp Asn Ser Pro Val Arg
85 90 95

Leu Lys Met Leu Tyr Ala Ala Thr Arg Ala Thr Val Lys Lys Glu Phe
100 105 110

Gly Gly Gly His Ile Lys Asp Glu Leu Phe Gly Thr Val Lys Asp Asp
115 120 125

Leu Ser Phe Ala Gly Tyr Gln Lys His Leu Ser Ser Cys Ala Ala Pro
130 135 140

Ala Pro Leu Thr Ser Ala Glu Arg Glu Leu Gln Gln Ile Arg Ile Asn
145 150 155 160

Glu Val Lys Thr Glu Ile Ser Val Glu Ser Lys His Gln Thr Leu Gln
165 170 175

Gly	Leu	Ala	Phe	Pro	Leu	Gln	Pro	Glu	Ala	Gln	Arg	Ala	Leu	Gln	Gln
			180					185					190		
Leu	Lys	Gln	Lys	Met	Val	Asn	Tyr	Ile	Gln	Met	Lys	Leu	Asp	Leu	Glu
		195					200					205			
Arg	Glu	Thr	Ile	Glu	Leu	Val	His	Thr	Glu	Pro	Thr	Asp	Val	Ala	Gln
	210					215					220				
Leu	Pro	Ser	Arg	Val	Pro	Arg	Asp	Ala	Ala	Arg	Tyr	His	Phe	Phe	Leu
225					230					235					240
Tyr	Lys	His	Thr	His	Glu	Gly	Asp	Pro	Leu	Glu	Ser	Val	Val	Phe	Ile
				245					250					255	
Tyr	Ser	Met	Pro	Gly	Tyr	Lys	Cys	Ser	Ile	Lys	Glu	Arg	Met	Leu	Tyr
			260					265					270		
Ser	Ser	Cys	Lys	Ser	Arg	Leu	Leu	Asp	Ser	Val	Glu	Gln	Asp	Phe	His
		275					280					285			
Leu	Glu	Ile	Ala	Lys	Lys	Ile	Glu	Ile	Gly	Asp	Gly	Ala	Glu	Leu	Thr
	290					295					300				
Ala	Glu	Phe	Leu	Tyr	Asp	Glu	Val	His	Pro	Lys	Gln	His	Ala	Phe	Lys
305					310					315					320
Gln	Ala	Phe	Ala	Lys	Pro	Lys	Gly	Pro	Gly	Gly	Lys	Arg	Gly	His	Lys
				325					330					335	
Arg	Leu	Ile	Arg	Gly	Pro	Gly	Glu	Asn	Gly	Asp	Asp	Ser			
			340					345							

<210> 27
<211> 2765
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS
<222> (91)..(837)
<223>

<400> 27

gggagacgtg gtgccgctgc gggctcgcctc tgccgtgcgc taggccttggt gggaaggcct 60

gttctcagagt ccgcgcctttt cgtcacccgcc atg tcg gga ggt ggt gtg att cgt 114
Met Ser Gly Gly Gly Val Ile Arg
1 5

ggc ccc gca ggg aac aac gat tgc cgc atc tac gtg ggt aac tta cct 162
Gly Pro Ala Gly Asn Asn Asp Cys Arg Ile Tyr Val Gly Asn Leu Pro
10 15 20

cca gac atc cga acc aag gac att gag gac gtg ttc tac aaa tac ggc 210
Pro Asp Ile Arg Thr Lys Asp Ile Glu Asp Val Phe Tyr Lys Tyr Gly
25 30 35 40

gct atc cgc gac atc gac ctc aag aat cgc cgc ggg gga ccg ccc ttc 258
Ala Ile Arg Asp Ile Asp Leu Lys Asn Arg Arg Gly Gly Pro Pro Phe
45 50 55

gcc ttc gtt gag ttc gag gac ccg cga gac gcg gaa gac gcg gtg tat 306
Ala Phe Val Glu Phe Glu Asp Pro Arg Asp Ala Glu Asp Ala Val Tyr
60 65 70

ggt cgc gac ggc tat gat tac gat ggg tac cgt ctg cgg gtg gag ttt 354
Gly Arg Asp Gly Tyr Asp Tyr Asp Gly Tyr Arg Leu Arg Val Glu Phe
75 80 85

cct cga agc ggc cgt gga aca ggc cga ggc ggc ggc ggg ggt gga ggt 402
Pro Arg Ser Gly Arg Gly Thr Gly Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly
90 95 100

ggc gga gct ccc cga ggt cgc tat ggc ccc cca tcc agg cgg tct gaa 450
Gly Gly Ala Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Pro Pro Ser Arg Arg Ser Glu
105 110 115 120

aac aga gtg gtt gtc tct gga ctg cct cca agt gga agt tgg cag gat 498
Asn Arg Val Val Val Ser Gly Leu Pro Pro Ser Gly Ser Trp Gln Asp
125 130 135

tta aag gat cac atg cgt gaa gca ggt gat gta tgt tat gct gat gtt 546
Leu Lys Asp His Met Arg Glu Ala Gly Asp Val Cys Tyr Ala Asp Val
140 145 150

tac cga gat ggc act ggt gtc gtg gag ttt gta cgg aaa gaa gat atg 594
Tyr Arg Asp Gly Thr Gly Val Val Glu Phe Val Arg Lys Glu Asp Met
155 160 165

acc tat gca gtt cga aaa ctg gat aac act aag ttt aga tct cat gag	642
Thr Tyr Ala Val Arg Lys Leu Asp Asn Thr Lys Phe Arg Ser His Glu	
170 175 180	
gga gaa act gcc tac atc cgg gtt aaa gtt gat ggg ccc aga agt cca	690
Gly Glu Thr Ala Tyr Ile Arg Val Lys Val Asp Gly Pro Arg Ser Pro	
185 190 195 200	
agt tat gga aga tct cga tct cga agc cgt agt cgt agc aga agc cgt	738
Ser Tyr Gly Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg	
205 210 215	
agc aga agc aac agc agg agt cgc agt tac tcc cca agg aga agc aga	786
Ser Arg Ser Asn Ser Arg Ser Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Arg Ser Arg	
220 225 230	
gga tca cca cgc tat tct ccc cgt cat agc aga tct cgc tct cgt aca	834
Gly Ser Pro Arg Tyr Ser Pro Arg His Ser Arg Ser Arg Ser Arg Thr	
235 240 245	
t aa gatgattggt gacacttttt gtagaaccca tgttgtatac agttttcctt	887
tattcagtac aatccttttca tttttttaatt caaactgttt tgttcagaat gggctaaagt	947
gttgaattgc attccttgtaa tatcccttg ctcctaacaat ctacattccc ttcgtgtcctt	1007
tgataaattg tatttttaagt gatgtcatag acaggattgt ttaaatttag ttaactccat	1067
actcttcaga ctgtgatatt gtgtaaatgt ctatctgccc tggtttggtgt gaactgggat	1127
gttgggggtg tttgtggtta tcttacctgg ggaagtctct atgtttatct tgcttttcat	1187
gtgtctttct gtagacatat ctgaagagat ggattaaaga tgctttggat taaggattgt	1247
ggagcacatt tcaatcattt taggattgtc aaaaggagga ttgaggagga tcagatcaat	1307
aatggaggca atggatatgac tccaagtgct attgtcacag atgaaattgg cagtattgac	1367
cttataactaa aaggcagggg ttaaaaatga ttatatacat tttccttaaa acacttgcaa	1427
acattttatt cagttgtcct tagctacaat tgctttgctt tttaaacctt ggcaattgtg	1487
gcaaaattat attgcccatt ttgtagcaac ttatttttgct cccttcccc catTTTTgtt	1547
ttaataggga ctaatgtggg aagaactggc taatttgtca cagtgccttag ttacaactgt	1607
taatgtgtga cctgctgttg gtgtacatgt gggtagaggg tgTTTTTaaa tccaacaaga	1667
tagagtataa tatcaatact gctaaatctg catgtcctct gtgtgactga tagagcgttg	1727

ctat	ttcatt	ttttaagac	aaaatgaaag	caaaaatatag	agttccaatg	tattggtgta	1787	
gataatc	tag	ttgggaatac	ttttaagtc	caccttcccc	tttaaaactaa	tattcataat	1847	
tgg	ttcatat	gtttaaaaga	ctttaatttta	caaatataaat	tgcaaatggg	agcattagat	1907	
ttag	tttttag	acttaggtgg	gtagcaatgc	cagtaaaactt	aaattacgta	acttcttgca	1967	
accac	gaaac	ctgtaatac	ctgtacagta	acaagtgttg	gcattatcag	ttgaactgta	2027	
aat	acaaaat	gcttcttcca	attagtcct	atgatgatta	agtttctaaa	atttatctga	2087	
acac	cattca	gaaacttg	ttgggggaatt	tgatagttat	tgatgtgcat	ctgttaaaact	2147	
gatgac	agac	ataactcatc	attccccaga	aacctttttt	gattacagta	tctaacattt	2207	
tgc	ctcctct	tttttgggtt	tgctgggttat	aaagggtttg	attggagagg	gctcactgga	2267	
tccc	aatcct	tggagctgga	tcat	tggatt	caaatcataa	tgtggatagg	atagggagga	2327
tga	attacc	aggattcatg	gagcgggac	agattaccag	gaacatagga	gtggattcct	2387	
gcccc	aaacca	aaccgcattc	gtgtggattt	ttttattcaa	cttaattggc	tattccaaag	2447	
at	tttttttt	tcctat	ttttt	gacgattgga	gcccttaaga	tgcacgatgg	aattgtgttt	2507
tgc	gtttttt	ggtaaaagga	gcaaagcgag	gacctggaga	taaacgctgg	agcaatctcc	2567	
ttg	gaaggat	tcagcacgag	tagatggtaa	acattttaag	gggaaggagg	gggtttgttt	2627	
aaaa	tagtaa	atcagtaagt	cacttctaaa	tttaaaagaaa	acaaaattgg	agttgaagaa	2687	
ta	agtaggtt	tccaattggc	tattgccgtt	ttcttttgaaa	aaataaacat	tttttaaaaa	2747	
act	aaaaaaaa	aaaaaaaa					2765	

<210> 28
 <211> 248
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 28

Met	Ser	Gly	Gly	Gly	Val	Ile	Arg	Gly	Pro	Ala	Gly	Asn	Asn	Asp	Cys
1				5					10					15	

Arg Ile Tyr Val Gly Asn Leu Pro Pro Asp Ile Arg Thr Lys Asp Ile

20							25					30				
Glu	Asp	Val	Phe	Tyr	Lys	Tyr	Gly	Ala	Ile	Arg	Asp	Ile	Asp	Leu	Lys	
		35					40					45				
Asn	Arg	Arg	Gly	Gly	Pro	Pro	Phe	Ala	Phe	Val	Glu	Phe	Glu	Asp	Pro	
	50					55					60					
Arg	Asp	Ala	Glu	Asp	Ala	Val	Tyr	Gly	Arg	Asp	Gly	Tyr	Asp	Tyr	Asp	
65					70					75					80	
Gly	Tyr	Arg	Leu	Arg	Val	Glu	Phe	Pro	Arg	Ser	Gly	Arg	Gly	Thr	Gly	
				85					90					95		
Arg	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Pro	Arg	Gly	Arg	Tyr	
			100					105					110			
Gly	Pro	Pro	Ser	Arg	Arg	Ser	Glu	Asn	Arg	Val	Val	Val	Ser	Gly	Leu	
		115					120					125				
Pro	Pro	Ser	Gly	Ser	Trp	Gln	Asp	Leu	Lys	Asp	His	Met	Arg	Glu	Ala	
	130					135					140					
Gly	Asp	Val	Cys	Tyr	Ala	Asp	Val	Tyr	Arg	Asp	Gly	Thr	Gly	Val	Val	
145					150					155					160	
Glu	Phe	Val	Arg	Lys	Glu	Asp	Met	Thr	Tyr	Ala	Val	Arg	Lys	Leu	Asp	
				165					170					175		
Asn	Thr	Lys	Phe	Arg	Ser	His	Glu	Gly	Glu	Thr	Ala	Tyr	Ile	Arg	Val	
			180					185					190			
Lys	Val	Asp	Gly	Pro	Arg	Ser	Pro	Ser	Tyr	Gly	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	
		195					200					205				
Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Asn	Ser	Arg	Ser	Arg	
	210					215					220					

Ser Tyr Ser Pro Arg Arg Ser Arg Gly Ser Pro Arg Tyr Ser Pro Arg
225 230 235 240

His Ser Arg Ser Arg Ser Arg Thr
245

<210> 29
<211> 1167
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (73)..(966)
<223>

<400> 29
gcc aacttct ccagccggcc gggggcgagcg ccagcgcggc gtccggggcg agtgacacgc 60

agagctgaag cc atg gtt cat cag gtg ctc tac cgg gcg ctg gtc tcc acc 111
Met Val His Gln Val Leu Tyr Arg Ala Leu Val Ser Thr
1 5 10

aag tgg ctg gcg gag tcc atc agg act ggc aag ctg ggg ccc ggc ctg 159
Lys Trp Leu Ala Glu Ser Ile Arg Thr Gly Lys Leu Gly Pro Gly Leu
15 20 25

cgg gtg ctg gac gcg tcc tgg tac tca cca ggc acc cga gag gcc cgc 207
Arg Val Leu Asp Ala Ser Trp Tyr Ser Pro Gly Thr Arg Glu Ala Arg
30 35 40 45

aag gag tac ctc gag cgc cac gta ccc ggc gcc tct ttc ttt gac ata 255
Lys Glu Tyr Leu Glu Arg His Val Pro Gly Ala Ser Phe Phe Asp Ile
50 55 60

gaa gag tgc cgg gac acg gcg tcg ccc tac gag atg atg ctg ccc agc 303
Glu Glu Cys Arg Asp Thr Ala Ser Pro Tyr Glu Met Met Leu Pro Ser
65 70 75

gag gct ggc ttc gcc gag tat gtg ggc cgc ctg ggc atc agc aac cac 351
Glu Ala Gly Phe Ala Glu Tyr Val Gly Arg Leu Gly Ile Ser Asn His
80 85 90

acg cac gtg gtg gtg tat gat ggt gaa cac ctg ggc agc ttc tat gct 399
Thr His Val Val Val Tyr Asp Gly Glu His Leu Gly Ser Phe Tyr Ala
95 100 105

ccc	cgg	gtc	tgg	tgg	atg	ttc	cgt	gtg	ttt	ggc	cac	cgc	acc	gta	tca	447
Pro	Arg	Val	Trp	Trp	Met	Phe	Arg	Val	Phe	Gly	His	Arg	Thr	Val	Ser	
110					115					120					125	
gtg	ctc	aat	ggg	ggc	ttc	cgg	aac	tgg	ctg	aag	gag	ggc	cac	ccg	gtg	495
Val	Leu	Asn	Gly	Gly	Phe	Arg	Asn	Trp	Leu	Lys	Glu	Gly	His	Pro	Val	
				130					135					140		
aca	tcc	gag	ccc	tca	cgc	cca	gaa	ccg	gcc	gtc	ttc	aaa	gcc	aca	ctg	543
Thr	Ser	Glu	Pro	Ser	Arg	Pro	Glu	Pro	Ala	Val	Phe	Lys	Ala	Thr	Leu	
			145					150					155			
gac	cgc	tcc	ctg	ctc	aag	acc	tac	gag	cag	gtg	ctg	gag	aac	ctt	gaa	591
Asp	Arg	Ser	Leu	Leu	Lys	Thr	Tyr	Glu	Gln	Val	Leu	Glu	Asn	Leu	Glu	
		160					165					170				
tct	aag	agg	ttc	cag	ctg	gtg	gat	tca	agg	tct	caa	ggg	cgg	ttc	ctg	639
Ser	Lys	Arg	Phe	Gln	Leu	Val	Asp	Ser	Arg	Ser	Gln	Gly	Arg	Phe	Leu	
	175					180					185					
ggc	acc	gag	ccg	gag	ccg	gat	gca	gta	gga	ctg	gac	tcg	ggc	cat	atc	687
Gly	Thr	Glu	Pro	Glu	Pro	Asp	Ala	Val	Gly	Leu	Asp	Ser	Gly	His	Ile	
190					195					200					205	
cgt	ggg	gcc	gtc	aac	atg	cct	ttc	atg	gac	ttc	ctg	act	gag	gat	ggc	735
Arg	Gly	Ala	Val	Asn	Met	Pro	Phe	Met	Asp	Phe	Leu	Thr	Glu	Asp	Gly	
				210					215					220		
ttc	gag	aag	ggc	cca	gaa	gag	ctc	cgt	gct	ctg	ttc	cag	acc	aag	aag	783
Phe	Glu	Lys	Gly	Pro	Glu	Glu	Leu	Arg	Ala	Leu	Phe	Gln	Thr	Lys	Lys	
			225					230					235			
gtg	gat	ctc	tcg	cag	cct	ctc	att	gcc	acg	tgc	cgc	aag	gga	gtc	acc	831
Val	Asp	Leu	Ser	Gln	Pro	Leu	Ile	Ala	Thr	Cys	Arg	Lys	Gly	Val	Thr	
		240					245					250				
gcc	tgc	cac	gtg	gcc	ttg	gct	gcc	tac	ctc	tgc	ggc	aag	cct	gat	gtg	879
Ala	Cys	His	Val	Ala	Leu	Ala	Ala	Tyr	Leu	Cys	Gly	Lys	Pro	Asp	Val	
	255					260					265					
gcc	gtg	tac	gat	ggc	tcc	tgg	tcc	gag	tgg	ttt	cgc	cgg	gcc	ccc	cca	927
Ala	Val	Tyr	Asp	Gly	Ser	Trp	Ser	Glu	Trp	Phe	Arg	Arg	Ala	Pro	Pro	
270					275					280					285	
gag	agg	cgt	gtg	tcc	cag	gga	aag	tct	gag	aag	gcc	tga	gcc	gtg	acct	976
Glu	Ser	Arg	Val	Ser	Gln	Gly	Lys	Ser	Glu	Lys	Ala					
				290					295							
cttctgctta ctgtaactgc ggccgggttta gtgaccccat gacttacagc cggttctttac															1036	

ctcttaggtg aaggagatga catgttttta gaattgctgt gcaaggctca ccctctctct 1096
gtcaacactg gaataaactt tgccttttct gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1156
aaaaaaaaaa a 1167

<210> 30
<211> 297
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 30

Met Val His Gln Val Leu Tyr Arg Ala Leu Val Ser Thr Lys Trp Leu
1 5 10 15

Ala Glu Ser Ile Arg Thr Gly Lys Leu Gly Pro Gly Leu Arg Val Leu
20 25 30

Asp Ala Ser Trp Tyr Ser Pro Gly Thr Arg Glu Ala Arg Lys Glu Tyr
35 40 45

Leu Glu Arg His Val Pro Gly Ala Ser Phe Phe Asp Ile Glu Glu Cys
50 55 60

Arg Asp Thr Ala Ser Pro Tyr Glu Met Met Leu Pro Ser Glu Ala Gly
65 70 75 80

Phe Ala Glu Tyr Val Gly Arg Leu Gly Ile Ser Asn His Thr His Val
85 90 95

Val Val Tyr Asp Gly Glu His Leu Gly Ser Phe Tyr Ala Pro Arg Val
100 105 110

Trp Trp Met Phe Arg Val Phe Gly His Arg Thr Val Ser Val Leu Asn
115 120 125

Gly Gly Phe Arg Asn Trp Leu Lys Glu Gly His Pro Val Thr Ser Glu
130 135 140

Pro	Ser	Arg	Pro	Glu	Pro	Ala	Val	Phe	Lys	Ala	Thr	Leu	Asp	Arg	Ser
145					150					155					160
Leu	Leu	Lys	Thr	Tyr	Glu	Gln	Val	Leu	Glu	Asn	Leu	Glu	Ser	Lys	Arg
				165					170					175	
Phe	Gln	Leu	Val	Asp	Ser	Arg	Ser	Gln	Gly	Arg	Phe	Leu	Gly	Thr	Glu
			180					185					190		
Pro	Glu	Pro	Asp	Ala	Val	Gly	Leu	Asp	Ser	Gly	His	Ile	Arg	Gly	Ala
		195					200					205			
Val	Asn	Met	Pro	Phe	Met	Asp	Phe	Leu	Thr	Glu	Asp	Gly	Phe	Glu	Lys
	210					215					220				
Gly	Pro	Glu	Glu	Leu	Arg	Ala	Leu	Phe	Gln	Thr	Lys	Lys	Val	Asp	Leu
225					230					235					240
Ser	Gln	Pro	Leu	Ile	Ala	Thr	Cys	Arg	Lys	Gly	Val	Thr	Ala	Cys	His
				245					250					255	
Val	Ala	Leu	Ala	Ala	Tyr	Leu	Cys	Gly	Lys	Pro	Asp	Val	Ala	Val	Tyr
			260					265					270		
Asp	Gly	Ser	Trp	Ser	Glu	Trp	Phe	Arg	Arg	Ala	Pro	Pro	Glu	Ser	Arg
		275					280					285			
Val	Ser	Gln	Gly	Lys	Ser	Glu	Lys	Ala							
	290					295									

<210> 31
<211> 2110
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (48)..(1346)
<223>

<400> 31																
ctgaggccca gcccccttcg cccgttttcca tcacgagtgccgcccagc atgtctgac																56
MetSerAsp																
1																
aaa ctg ccc tac aaa gtc gcc gac atc ggc ctg gct gcc tgg gga cgc																104
Lys Leu Pro Tyr Lys Val Ala Asp Ile Gly Leu Ala Ala Trp Gly Arg																
5 10 15																
aag gcc ctg gac att gct gag aac gag atg ccg ggc ctg atg cgt atg																152
Lys Ala Leu Asp Ile Ala Glu Asn Glu Met Pro Gly Leu Met Arg Met																
20 25 30 35																
cgg gag cgg tac tcg gcc tcc aag cca ctg aag ggc gcc cgc atc gct																200
Arg Glu Arg Tyr Ser Ala Ser Lys Pro Leu Lys Gly Ala Arg Ile Ala																
40 45 50																
ggc tgc ctg cac atg acc gtg gag acg gcc gtc ctc att gag acc ctc																248
Gly Cys Leu His Met Thr Val Glu Thr Ala Val Leu Ile Glu Thr Leu																
55 60 65																
gtc acc ctg ggt gct gag gtg cag tgg tcc agc tgc aac atc ttc tcc																296
Val Thr Leu Gly Ala Glu Val Gln Trp Ser Ser Cys Asn Ile Phe Ser																
70 75 80																
acc cag gac cat gcg gcg gct gcc att gcc aag gct ggc att ccg gtg																344
Thr Gln Asp His Ala Ala Ala Ala Ile Ala Lys Ala Gly Ile Pro Val																
85 90 95																
tat gcc tgg aag ggc gaa acg gac gag gag tac ctg tgg tgc att gag																392
Tyr Ala Trp Lys Gly Glu Thr Asp Glu Glu Tyr Leu Trp Cys Ile Glu																
100 105 110 115																
cag acc ctg tac ttc aag gac ggg ccc ctc aac atg att ctg gac gac																440
Gln Thr Leu Tyr Phe Lys Asp Gly Pro Leu Asn Met Ile Leu Asp Asp																
120 125 130																
ggg ggc gac ctc acc aac ctc atc cac acc aag tac ccg cag ctt ctg																488
Gly Gly Asp Leu Thr Asn Leu Ile His Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Leu																
135 140 145																
cca ggc atc cga ggc atc tct gag gag acc acg act ggg gtc cac aac																536
Pro Gly Ile Arg Gly Ile Ser Glu Glu Thr Thr Thr Gly Val His Asn																
150 155 160																
ctc tac aag atg atg gcc aat ggg atc ctc aag gtg cct gcc atc aat																584
Leu Tyr Lys Met Met Ala Asn Gly Ile Leu Lys Val Pro Ala Ile Asn																
165 170 175																
gtc aat gac tcc gtc acc aag agc aag ttt gac aac ctc tat ggc tgc																632

Val 180	Asn	Asp	Ser	Val 185	Thr	Lys	Ser	Lys	Phe	Asp 190	Asn	Leu	Tyr	Gly	Cys 195	
cgg	gag	tcc	ctc	ata	gat	ggc	atc	aag	cgg	gcc	aca	gat	gtg	atg	att	680
Arg	Glu	Ser	Leu	Ile 200	Asp	Gly	Ile	Lys	Arg	Ala	Thr	Asp	Val	Met	Ile	
gcc	ggc	aag	gta	gcg	gtg	gta	gca	ggc	tat	ggg	gat	gtg	ggc	aag	ggc	728
Ala	Gly	Lys	Val 215	Ala	Val	Val	Ala	Gly	Tyr	Gly	Asp	Val	Gly	Lys	Gly	
tgt	gcc	cag	gcc	ctg	cgg	ggg	ttc	gga	gcc	cgc	gtc	atc	atc	acc	gag	776
Cys	Ala	Gln 230	Ala	Leu	Arg	Gly	Phe 235	Gly	Ala	Arg	Val	Ile	Ile	Thr	Glu	
att	gac	ccc	atc	aac	gca	ctg	cag	gct	gcc	atg	gag	ggc	tat	gag	gtg	824
Ile	Asp 245	Pro	Ile	Asn	Ala	Leu 250	Gln	Ala	Ala	Met	Glu	Gly	Tyr	Glu	Val	
acc	acc	atg	gat	gag	gcc	tgt	cag	gag	ggc	aac	atc	ttt	gtc	acc	acc	872
Thr 260	Thr	Met	Asp	Glu	Ala 265	Cys	Gln	Glu	Gly	Asn 270	Ile	Phe	Val	Thr	Thr	
aca	ggc	tgt	att	gac	atc	atc	ctt	ggc	cgg	cac	ttt	gag	cag	atg	aag	920
Thr	Gly	Cys	Ile	Asp 280	Ile	Ile	Leu	Gly	Arg	His	Phe	Glu	Gln	Met	Lys	
gat	gat	gcc	att	gtg	tgt	aac	att	gga	cac	ttt	gac	gtg	gag	atc	gat	968
Asp	Asp	Ala	Ile 295	Val	Cys	Asn	Ile	Gly	His	Phe	Asp	Val	Glu	Ile	Asp	
gtc	aag	tgg	ctc	aac	gag	aac	gcc	gtg	gag	aag	gtg	aac	atc	aag	ccg	1016
Val	Lys	Trp 310	Leu	Asn	Glu	Asn	Ala	Val	Glu	Lys	Val	Asn	Ile	Lys	Pro	
cag	gtg	gac	cgg	tat	cgg	ttg	aag	aat	ggg	cgc	cgc	atc	atc	ctg	ctg	1064
Gln	Val 325	Asp	Arg	Tyr	Arg	Leu 330	Lys	Asn	Gly	Arg	Arg	Ile	Ile	Leu	Leu	
gcc	gag	ggg	cgg	ctg	gtc	aac	ctg	ggg	tgt	gcc	atg	ggc	cac	ccc	agc	1112
Ala 340	Glu	Gly	Arg	Leu	Val 345	Asn	Leu	Gly	Cys	Ala 350	Met	Gly	His	Pro	Ser	
ttc	gtg	atg	agt	aac	tcc	ttc	acc	aac	cag	gtg	atg	gcg	cag	atc	gag	1160
Phe	Val	Met	Ser	Asn 360	Ser	Phe	Thr	Asn	Gln	Val	Met	Ala	Gln	Ile	Glu	
ctg	tgg	acc	cat	cca	gac	aag	tac	ccc	gtt	ggg	gtt	cat	ttc	ctg	ccc	1208
Leu	Trp	Thr	His 375	Pro	Asp	Lys	Tyr	Pro 380	Val	Gly	Val	His	Phe	Leu	Pro	

aag aag ctg gat gag gca gtg gct gaa gcc cac ctg ggc aag ctg aat	1256
Lys Lys Leu Asp Glu Ala Val Ala Glu Ala His Leu Gly Lys Leu Asn	
390395400	
gtg aag ttg acc aag cta act gag aag caa gcc cag tac ctg ggc atg	1304
Val Lys Leu Thr Lys Leu Thr Glu Lys Gln Ala Gln Tyr Leu Gly Met	
405410415	
tcc tgt gat ggc ccc ttc aag ccg gat cac tac cgc tac tga	1346
Ser Cys Asp Gly Pro Phe Lys Pro Asp His Tyr Arg Tyr	
420425430	
gagccaggtc tgcgtttcac cctccagctg ctgtccttgc ccaggcccca cctctcctcc1406	
ctaagagcta atggcaccaa ctttgtgact ggtttgtcag tgtcccccatt cgactctctg1466	
gggctgatca cttagttttt ggccctctgct gcagccgtca tactgttcca aatgtggcag1526	
cgggaacaga gtaccctctt caagccccgg tcatgatgga ggtcccagcc acagggaacc1586	
atgagctcag tggctcttgga acagctcact aagtcagtcc ttccttagcc tggaaagccag1646	
tagtggagtc acaaagccca tgtgtttttgc catctaggcc ttcaacctggt ctgtggactt1706	
ataacctgtgt gcttggttta cagggtccagt ggttcttcag cccatgacag atgagaaggg1766	
gctatatattga agggcaaaga ggaactgttg tttgaatttt cctgagagcc tggccttagtg1826	
ctggggccttc tcttaaacct cattacaatg aggttagtac ttttagtccc tgtttttacag1886	
gggttagaat agactgttaa ggggcaactg agaaagaaca gagaagtgac agctaggggt1946	
tgagagggggc cagaaaaaca tgaatgcagg cagatttcgt gaaatctgcc accactttat2006	
aaccagatgg ttcctttcac aaccctgggt caaaaagaga ataatttggc ctataatgtt2066	
aaaagaaagc aggaagggtgg gtaaataaaa atcttgggtgc ctgg2110	
<210> 32	
<211> 432	
<212> PRT	
<213> Homo sapiens	
<400> 32	
Met Ser Asp Lys Leu Pro Tyr Lys Val Ala Asp Ile Gly Leu Ala Ala	
151015	

Trp Gly Arg Lys Ala Leu Asp Ile Ala Glu Asn Glu Met Pro Gly Leu
20 25 30

Met Arg Met Arg Glu Arg Tyr Ser Ala Ser Lys Pro Leu Lys Gly Ala
35 40 45

Arg Ile Ala Gly Cys Leu His Met Thr Val Glu Thr Ala Val Leu Ile
50 55 60

Glu Thr Leu Val Thr Leu Gly Ala Glu Val Gln Trp Ser Ser Cys Asn
65 70 75 80

Ile Phe Ser Thr Gln Asp His Ala Ala Ala Ala Ile Ala Lys Ala Gly
85 90 95

Ile Pro Val Tyr Ala Trp Lys Gly Glu Thr Asp Glu Glu Tyr Leu Trp
100 105 110

Cys Ile Glu Gln Thr Leu Tyr Phe Lys Asp Gly Pro Leu Asn Met Ile
115 120 125

Leu Asp Asp Gly Gly Asp Leu Thr Asn Leu Ile His Thr Lys Tyr Pro
130 135 140

Gln Leu Leu Pro Gly Ile Arg Gly Ile Ser Glu Glu Thr Thr Thr Gly
145 150 155 160

Val His Asn Leu Tyr Lys Met Met Ala Asn Gly Ile Leu Lys Val Pro
165 170 175

Ala Ile Asn Val Asn Asp Ser Val Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Leu
180 185 190

Tyr Gly Cys Arg Glu Ser Leu Ile Asp Gly Ile Lys Arg Ala Thr Asp
195 200 205

Val Met Ile Ala Gly Lys Val Ala Val Val Ala Gly Tyr Gly Asp Val

210					215					220									
Gly	Lys	Gly	Cys	Ala	Gln	Ala	Leu	Arg	Gly	Phe	Gly	Ala	Arg	Val	Ile				
225					230					235					240				
Ile	Thr	Glu	Ile	Asp	Pro	Ile	Asn	Ala	Leu	Gln	Ala	Ala	Met	Glu	Gly				
				245					250					255					
Tyr	Glu	Val	Thr	Thr	Met	Asp	Glu	Ala	Cys	Gln	Glu	Gly	Asn	Ile	Phe				
			260					265					270						
Val	Thr	Thr	Thr	Gly	Cys	Ile	Asp	Ile	Ile	Leu	Gly	Arg	His	Phe	Glu				
		275					280					285							
Gln	Met	Lys	Asp	Asp	Ala	Ile	Val	Cys	Asn	Ile	Gly	His	Phe	Asp	Val				
	290					295					300								
Glu	Ile	Asp	Val	Lys	Trp	Leu	Asn	Glu	Asn	Ala	Val	Glu	Lys	Val	Asn				
305					310					315					320				
Ile	Lys	Pro	Gln	Val	Asp	Arg	Tyr	Arg	Leu	Lys	Asn	Gly	Arg	Arg	Ile				
			325						330					335					
Ile	Leu	Leu	Ala	Glu	Gly	Arg	Leu	Val	Asn	Leu	Gly	Cys	Ala	Met	Gly				
			340					345					350						
His	Pro	Ser	Phe	Val	Met	Ser	Asn	Ser	Phe	Thr	Asn	Gln	Val	Met	Ala				
		355					360					365							
Gln	Ile	Glu	Leu	Trp	Thr	His	Pro	Asp	Lys	Tyr	Pro	Val	Gly	Val	His				
	370					375					380								
Phe	Leu	Pro	Lys	Lys	Leu	Asp	Glu	Ala	Val	Ala	Glu	Ala	His	Leu	Gly				
385					390					395					400				
Lys	Leu	Asn	Val	Lys	Leu	Thr	Lys	Leu	Thr	Glu	Lys	Gln	Ala	Gln	Tyr				
			405						410					415					

Leu Gly Met Ser Cys Asp Gly Pro Phe Lys Pro Asp His Tyr Arg Tyr
420 425 430

<210> 33
<211> 1698
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (191)..(1309)
<223>

<400> 33
cccggccctc cctgcacggc ctcccgtgcg cccctgtcag actgtggcgg ccggtcgcgc 60
ggtgcgctct ccctccctgc ccgcagcctg gagaggcgct tcgtgctgca ccccccgcg 120
ttcctgccgg caccgcgcct gccctctgcc gcgctccgcc ctgccgccga ccgcacgccc 180
gccgcggggac atg gca cac gca ccg gca cgc tgc ccc agc gcc cgg ggc 229
Met Ala His Ala Pro Ala Arg Cys Pro Ser Ala Arg Gly
1 5 10
tcc ggg gac ggc gag atg ggc aag ccc agg aac gtg gcg ctc atc acc 277
Ser Gly Asp Gly Glu Met Gly Lys Pro Arg Asn Val Ala Leu Ile Thr
15 20 25
ggt atc aca ggc cag gat ggt tcc tac ctg gct gag ttc ctg ctg gag 325
Gly Ile Thr Gly Gln Asp Gly Ser Tyr Leu Ala Glu Phe Leu Leu Glu
30 35 40 45
aaa ggc tat gag gtc cat gga att gta cgg cgg tcc agt tca ttt aat 373
Lys Gly Tyr Glu Val His Gly Ile Val Arg Arg Ser Ser Ser Phe Asn
50 55 60
acg ggt cga att gag cat ctg tat aag aat ccc cag gct cac att gaa 421
Thr Gly Arg Ile Glu His Leu Tyr Lys Asn Pro Gln Ala His Ile Glu
65 70 75
gga aac atg aag ttg cac tat ggc gat ctc act gac agt acc tgc ctt 469
Gly Asn Met Lys Leu His Tyr Gly Asp Leu Thr Asp Ser Thr Cys Leu
80 85 90
gtg aag atc att aat gaa gta aag ccc aca gag atc tac aac ctt gga 517
Val Lys Ile Ile Asn Glu Val Lys Pro Thr Glu Ile Tyr Asn Leu Gly
95 100 105

g c c	c a g	a g c	c a c	g t c	a a a	a t t	t c c	t t t	g a c	c t c	g c t	g a g	t a c	a c t	g c g	565
Ala	Gln	Ser	His	Val	Lys	Ile	Ser	Phe	Asp	Leu	Ala	Glu	Tyr	Thr	Ala	
110					115					120					125	
g a c	g t t	g a c	g g a	g t t	g g c	a c t	c t a	c g a	c t t	c t a	g a t	g c a	g t t	a a g	a c t	613
Asp	Val	Asp	Gly	Val	Gly	Thr	Leu	Arg	Leu	Leu	Asp	Ala	Val	Lys	Thr	
				130					135					140		
t g t	g g c	c t t	a t c	a a c	t c t	g t g	a a g	t t c	t a c	c a a	g c c	t c a	a c a	a g t	g a a	661
Cys	Gly	Leu	Ile	Asn	Ser	Val	Lys	Phe	Tyr	Gln	Ala	Ser	Thr	Ser	Glu	
			145					150					155			
c t t	t a t	g g g	a a a	g t g	c a g	g a a	a t a	c c c	c a g	a a g	g a g	a c c	a c c	c c t	t t c	709
Leu	Tyr	Gly	Lys	Val	Gln	Glu	Ile	Pro	Gln	Lys	Glu	Thr	Thr	Pro	Phe	
		160					165					170				
t a t	c c c	c g g	t c a	c c c	t a t	g g g	g c a	g c a	a a a	c t c	t a t	g c c	t a t	t g g	a t t	757
Tyr	Pro	Arg	Ser	Pro	Tyr	Gly	Ala	Ala	Lys	Leu	Tyr	Ala	Tyr	Trp	Ile	
	175					180					185					
g t g	g t g	a a c	t t c	c g t	g a g	g c g	t a t	a a t	c t c	t t t	g c a	g t g	a a c	g g c	a t t	805
Val	Val	Asn	Phe	Arg	Glu	Ala	Tyr	Asn	Leu	Phe	Ala	Val	Asn	Gly	Ile	
190					195					200					205	
c t c	t t c	a a t	c a t	g a g	a g t	c c c	a g a	a g a	g g a	g c t	a a t	t t c	g t t	a c t	c g a	853
Leu	Phe	Asn	His	Glu	Ser	Pro	Arg	Arg	Gly	Ala	Asn	Phe	Val	Thr	Arg	
			210						215					220		
a a a	a t t	a g c	c g g	t c a	g t a	g c t	a a g	a t t	t a c	c t t	g g a	c a a	c t g	g a a	t g t	901
Lys	Ile	Ser	Arg	Ser	Val	Ala	Lys	Ile	Tyr	Leu	Gly	Gln	Leu	Glu	Cys	
			225					230					235			
t t c	a g t	t t g	g g a	a a t	c t g	g a t	g c c	a a a	c g a	g a t	t g g	g g c	c a t	g c c	a a g	949
Phe	Ser	Leu	Gly	Asn	Leu	Asp	Ala	Lys	Arg	Asp	Trp	Gly	His	Ala	Lys	
		240					245					250				
g a c	t a t	g t g	g a g	g c t	a t g	t g g	t t g	a t g	t t g	c a g	a a t	g a t	g a g	c c g	g a g	997
Asp	Tyr	Val	Glu	Ala	Met	Trp	Leu	Met	Leu	Gln	Asn	Asp	Glu	Pro	Glu	
	255					260					265					
g a c	t t c	g t t	a t a	g c t	a c t	g g g	g a g	g t c	c a t	a g t	g t c	c g g	g a a	t t t	g t c	1045
Asp	Phe	Val	Ile	Ala	Thr	Gly	Glu	Val	His	Ser	Val	Arg	Glu	Phe	Val	
270					275					280					285	
g a g	a a a	t c a	t t c	t t g	c a c	a t t	g g a	a a a	a c c	a t t	g t g	t g g	g a a	g g a	a a g	1093
Glu	Lys	Ser	Phe	Leu	His	Ile	Gly	Lys	Thr	Ile	Val	Trp	Glu	Gly	Lys	
				290					295					300		
a a t	g a a	a a t	g a a	g t g	g g c	a g a	t g t	a a a	g a g	a c c	g g c	a a a	g t t	c a c	g t g	1141
Asn	Glu	Asn	Glu	Val	Gly	Arg	Cys	Lys	Glu	Thr	Gly	Lys	Val	His	Val	

305

310

315

actgtggatctcaagtac tac cggccaactgaa gtggac tttctg cag

ThrValAspLeuLysTyrTyrArgProThrGluValAspPheLeuGln

320325330

ggcgac tgcacc aaa gcgaaa cag aag ctg aac tgg aag ccc cgg gtc

GlyAspCysThrLysAlaLysGlnLysLeuAsnTrpLysProArgVal

335340345

gctttc gatgagctggtgagggagatggtgcac gccgacgtggagctc

AlaPheAspGluLeuValArgGluMetValHisAlaAspValGluLeu

350355360365

atgaggaca aacccc aatgcc tga gcagcgcctc ggagcccggc ccgcccctccg

MetArgThrAsnProAsnAla

370

gctacaatcc ccgcagagtc tccgggtgcag acgcgctgcg gggatggggga gcgggcgtgcc

1399

aatctgcggg tccccctgcgg cccctgctgc cgctgcgctg tcccggccgc aagagcgggg

1459

ccgccccgcc gaggtttgta gcagccggga tgtgaccctc cagggtttgg gtcgctttgc

1519

gtttgtcgaa gcctcctctg aatggctttg tgaaatcaag atgtttttaat cacattcact

1579

ttacttgaaa ttatgttgtt acacaacaaa ttgtggggcc ttcaaatgtg ttttctcttt

1639

tcataattaaa aatggctcttt ctgtgaacta gcaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

1698

<210> 34

<211> 372

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 34

MetAlaHisAlaProAlaArgCysProSerAlaArgGlySerGlyAsp

151015

GlyGluMetGlyLysProArgAsnValAlaLeuIleThrGlyIleThr

202530

GlyGlnAspGlySerTyrLeuAlaGluPheLeuLeuGluLysGlyTyr

354045

Glu	Val	His	Gly	Ile	Val	Arg	Arg	Ser	Ser	Ser	Phe	Asn	Thr	Gly	Arg	
	50					55					60					
Ile	Glu	His	Leu	Tyr	Lys	Asn	Pro	Gln	Ala	His	Ile	Glu	Gly	Asn	Met	
65					70					75					80	
Lys	Leu	His	Tyr	Gly	Asp	Leu	Thr	Asp	Ser	Thr	Cys	Leu	Val	Lys	Ile	
				85					90					95		
Ile	Asn	Glu	Val	Lys	Pro	Thr	Glu	Ile	Tyr	Asn	Leu	Gly	Ala	Gln	Ser	
			100					105					110			
His	Val	Lys	Ile	Ser	Phe	Asp	Leu	Ala	Glu	Tyr	Thr	Ala	Asp	Val	Asp	
		115					120					125				
Gly	Val	Gly	Thr	Leu	Arg	Leu	Leu	Asp	Ala	Val	Lys	Thr	Cys	Gly	Leu	
	130					135					140					
Ile	Asn	Ser	Val	Lys	Phe	Tyr	Gln	Ala	Ser	Thr	Ser	Glu	Leu	Tyr	Gly	
145					150					155					160	
Lys	Val	Gln	Glu	Ile	Pro	Gln	Lys	Glu	Thr	Thr	Pro	Phe	Tyr	Pro	Arg	
				165					170					175		
Ser	Pro	Tyr	Gly	Ala	Ala	Lys	Leu	Tyr	Ala	Tyr	Trp	Ile	Val	Val	Asn	
			180					185					190			
Phe	Arg	Glu	Ala	Tyr	Asn	Leu	Phe	Ala	Val	Asn	Gly	Ile	Leu	Phe	Asn	
		195					200					205				
His	Glu	Ser	Pro	Arg	Arg	Gly	Ala	Asn	Phe	Val	Thr	Arg	Lys	Ile	Ser	
	210					215					220					
Arg	Ser	Val	Ala	Lys	Ile	Tyr	Leu	Gly	Gln	Leu	Glu	Cys	Phe	Ser	Leu	
225					230					235					240	
Gly	Asn	Leu	Asp	Ala	Lys	Arg	Asp	Trp	Gly	His	Ala	Lys	Asp	Tyr	Val	
				245					250					255		

Glu Ala Met Trp Leu Met Leu Gln Asn Asp Glu Pro Glu Asp Phe Val
260 265 270

Ile Ala Thr Gly Glu Val His Ser Val Arg Glu Phe Val Glu Lys Ser
275 280 285

Phe Leu His Ile Gly Lys Thr Ile Val Trp Glu Gly Lys Asn Glu Asn
290 295 300

Glu Val Gly Arg Cys Lys Glu Thr Gly Lys Val His Val Thr Val Asp
305 310 315 320

Leu Lys Tyr Tyr Arg Pro Thr Glu Val Asp Phe Leu Gln Gly Asp Cys
325 330 335

Thr Lys Ala Lys Gln Lys Leu Asn Trp Lys Pro Arg Val Ala Phe Asp
340 345 350

Glu Leu Val Arg Glu Met Val His Ala Asp Val Glu Leu Met Arg Thr
355 360 365

Asn Pro Asn Ala
370

<210> 35
<211> 2963
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (26)..(2317)
<223>

<400> 35
ccactgctgt cctcttcagc tcaag atg gtg gcc tgc cgg gcg att ggc atc 52
Met Val Ala Cys Arg Ala Ile Gly Ile
1 5

ctc agc cgc ttt tct gcc ttc agg atc ctc cgc tcc cga ggt tat ata 100

Leu 10	Ser	Arg	Phe	Ser	Ala 15	Phe	Arg	Ile	Leu	Arg 20	Ser	Arg	Gly	Tyr	Ile 25	
tgc	cgc	aat	ttt	aca	ggg	tct	tct	gct	ttg	ctg	acc	aga	acc	cat	att	148
Cys	Arg	Asn	Phe	Thr 30	Gly	Ser	Ser	Ala	Leu 35	Leu	Thr	Arg	Thr	His	Ile 40	
aac	tat	gga	gtc	aaa	ggg	gat	gtg	gca	gtt	gtt	cga	att	aac	tct	ccc	196
Asn	Tyr	Gly	Val 45	Lys	Gly	Asp	Val	Ala 50	Val	Val	Arg	Ile	Asn 55	Ser	Pro	
aat	tca	aag	gta	aat	aca	ctg	agt	aaa	gag	cta	cat	tca	gag	ttc	tca	244
Asn	Ser	Lys 60	Val	Asn	Thr	Leu	Ser 65	Lys	Glu	Leu	His	Ser 70	Glu	Phe	Ser	
gaa	gtt	atg	aat	gaa	atc	tgg	gct	agt	gat	caa	atc	aga	agt	gcc	gtc	292
Glu	Val 75	Met	Asn	Glu	Ile	Trp 80	Ala	Ser	Asp	Gln	Ile 85	Arg	Ser	Ala	Val	
ctt	atc	tca	tca	aag	cca	ggc	tgc	ttt	att	gca	ggg	gct	gat	atc	aac	340
Leu 90	Ile	Ser	Ser	Lys	Pro 95	Gly	Cys	Phe	Ile	Ala 100	Gly	Ala	Asp	Ile	Asn 105	
atg	tta	gcc	gct	tgc	aag	acc	ctt	caa	gaa	gta	aca	cag	cta	tca	caa	388
Met	Leu	Ala	Ala	Cys 110	Lys	Thr	Leu	Gln	Glu 115	Val	Thr	Gln	Leu	Ser 120	Gln	
gaa	gca	cag	aga	ata	gtt	gag	aaa	ctt	gaa	aag	tcc	aca	aag	cct	att	436
Glu	Ala	Gln	Arg 125	Ile	Val	Glu	Lys	Leu 130	Glu	Lys	Ser	Thr	Lys 135	Pro	Ile	
gtg	gct	gcc	atc	aat	gga	tcc	tgc	ctg	gga	gga	gga	ctt	gag	gtt	gcc	484
Val	Ala 140	Ala	Ile	Asn	Gly	Ser	Cys 145	Leu	Gly	Gly	Gly	Leu 150	Glu	Val	Ala	
att	tca	tgc	caa	tac	aga	ata	gca	aca	aaa	gac	aga	aaa	aca	gta	tta	532
Ile 155	Ser	Cys	Gln	Tyr	Arg 160	Ile	Ala	Thr	Lys	Asp 165	Arg	Lys	Thr	Val	Leu	
ggt	acc	cct	gaa	gtt	ttg	ctg	ggg	gcc	tta	cca	gga	gca	gga	ggc	aca	580
Gly 170	Thr	Pro	Glu	Val	Leu 175	Leu	Gly	Ala	Leu 180	Pro	Gly	Ala	Gly	Gly	Thr 185	
caa	agg	ctg	ccc	aaa	atg	gtg	ggt	gtg	cct	gct	gct	ttg	gac	atg	atg	628
Gln	Arg	Leu	Pro	Lys 190	Met	Val	Gly	Val	Pro 195	Ala	Ala	Leu	Asp 200	Met	Met	
ctg	act	ggt	aga	agc	att	cgt	gca	gac	agg	gca	aag	aaa	atg	gga	ctg	676
Leu	Thr	Gly	Arg 205	Ser	Ile	Arg	Ala	Asp 210	Arg	Ala	Lys	Lys 215	Met	Gly	Leu	

gtt	gac	caa	ctg	gtg	gaa	ccc	ctg	gga	cca	gga	cta	aaa	cct	cca	gag	724
Val	Asp	Gln	Leu	Val	Glu	Pro	Leu	Gly	Pro	Gly	Leu	Lys	Pro	Pro	Glu	
		220					225					230				
gaa	cgg	aca	ata	gaa	tac	cta	gaa	gaa	gtt	gca	att	act	ttt	gcc	aaa	772
Glu	Arg	Thr	Ile	Glu	Tyr	Leu	Glu	Glu	Val	Ala	Ile	Thr	Phe	Ala	Lys	
	235					240					245					
gga	cta	gct	gat	aag	aag	atc	tct	cca	aag	aga	gac	aag	gga	ttg	gtg	820
Gly	Leu	Ala	Asp	Lys	Lys	Ile	Ser	Pro	Lys	Arg	Asp	Lys	Gly	Leu	Val	
250					255					260					265	
gaa	aaa	ttg	aca	gcg	tat	gcc	atg	act	att	cca	ttt	gtc	agg	caa	cag	868
Glu	Lys	Leu	Thr	Ala	Tyr	Ala	Met	Thr	Ile	Pro	Phe	Val	Arg	Gln	Gln	
				270					275					280		
gtt	tac	aaa	aaa	gtg	gaa	gaa	aaa	gtg	cga	aag	cag	act	aaa	ggc	ctt	916
Val	Tyr	Lys	Lys	Val	Glu	Glu	Lys	Val	Arg	Lys	Gln	Thr	Lys	Gly	Leu	
			285					290					295			
tat	cct	gca	cct	ctg	aaa	ata	att	gat	gtg	gta	aag	act	gga	att	gag	964
Tyr	Pro	Ala	Pro	Leu	Lys	Ile	Ile	Asp	Val	Val	Lys	Thr	Gly	Ile	Glu	
		300					305					310				
caa	ggg	agt	gat	gcc	ggt	tat	ctc	tgt	gaa	tct	cag	aaa	ttt	gga	gag	1012
Gln	Gly	Ser	Asp	Ala	Gly	Tyr	Leu	Cys	Glu	Ser	Gln	Lys	Phe	Gly	Glu	
	315					320					325					
ctt	gta	atg	acc	aaa	gaa	tca	aag	gcc	ttg	atg	gga	ctc	tac	cat	ggt	1060
Leu	Val	Met	Thr	Lys	Glu	Ser	Lys	Ala	Leu	Met	Gly	Leu	Tyr	His	Gly	
330					335					340					345	
cag	gtc	ctg	tgc	aag	aag	aat	aaa	ttt	gga	gct	cca	cag	aag	gat	gtt	1108
Gln	Val	Leu	Cys	Lys	Lys	Asn	Lys	Phe	Gly	Ala	Pro	Gln	Lys	Asp	Val	
				350					355					360		
aag	cat	ctg	gct	att	ctt	ggt	gca	ggg	ctg	atg	gga	gca	ggc	atc	gcc	1156
Lys	His	Leu	Ala	Ile	Leu	Gly	Ala	Gly	Leu	Met	Gly	Ala	Gly	Ile	Ala	
			365					370					375			
caa	gtc	tcc	gtg	gat	aag	ggg	cta	aag	act	ata	ctt	aaa	gat	gcc	acc	1204
Gln	Val	Ser	Val	Asp	Lys	Gly	Leu	Lys	Thr	Ile	Leu	Lys	Asp	Ala	Thr	
		380					385					390				
ctc	act	gcg	cta	gac	cga	gga	cag	caa	caa	gtg	ttc	aaa	gga	ttg	aat	1252
Leu	Thr	Ala	Leu	Asp	Arg	Gly	Gln	Gln	Gln	Val	Phe	Lys	Gly	Leu	Asn	
	395					400					405					
gac	aaa	gtg	aag	aag	aaa	gct	cta	aca	tca	ttt	gaa	agg	gat	tcc	atc	1300

Asp 410	Lys	Val	Lys	Lys	Lys	Ala	Leu	Thr	Ser	Phe	Glu	Arg	Asp	Ser	Ile 425	
t t c	a g c	a a c	t t g	a c t	g g g	c a g	c t t	g a t	t a c	c a a	g g t	t t t	g a a	a a g	g c c	1348
Phe	Ser	Asn	Leu	Thr 430	Gly	Gln	Leu	Asp	Tyr 435	Gln	Gly	Phe	Glu	Lys	Ala 440	
g a c	a t g	g t g	a t t	g a a	g c t	g t g	t t t	g a g	g a c	c t t	a g t	c t t	a a g	c a c	a g a	1396
Asp	Met	Val	Ile 445	Glu	Ala	Val	Phe	Glu	Asp	Leu	Ser	Leu	Lys	His	Arg 455	
g t g	c t a	a a g	g a a	g t a	g a a	g c g	g t g	a t t	c c a	g a t	c a c	t g t	a t c	t t t	g c c	1444
Val	Leu	Lys 460	Glu	Val	Glu	Ala	Val 465	Ile	Pro	Asp	His	Cys	Ile	Phe	Ala	
a g t	a a c	a c a	t c t	g c t	c t c	c c a	a t c	a g t	g a a	a t c	g c t	g c t	g t c	a g c	a a a	1492
Ser	Asn 475	Thr	Ser	Ala	Leu	Pro 480	Ile	Ser	Glu	Ile	Ala	Ala	Val	Ser	Lys	
a g a	c c t	g a g	a a g	g t g	a t t	g g c	a t g	c a c	t a c	t t c	t c t	c c c	g t g	g a c	a a g	1540
Arg	Pro	Glu	Lys	Val	Ile 495	Gly	Met	His	Tyr	Phe	Ser	Pro	Val	Asp	Lys 505	
a t g	c a g	c t g	c t g	g a g	a t t	a t c	a c g	a c c	g a g	a a a	a c t	t c c	a a a	g a c	a c c	1588
Met	Gln	Leu	Leu	Glu 510	Ile	Ile	Thr	Thr	Glu	Lys	Thr	Ser	Lys	Asp	Thr 520	
a g t	g c t	t c a	g c t	g t a	g c a	g t t	g g t	c t c	a a g	c a g	g g g	a a g	g t c	a t c	a t t	1636
Ser	Ala	Ser	Ala 525	Val	Ala	Val	Gly	Leu	Lys	Gln	Gly	Lys	Val	Ile	Ile 535	
g t g	g t t	a a g	g a t	g g a	c c t	g g c	t t c	t a t	a c t	a c c	a g g	t g t	c t t	g c g	c c c	1684
Val	Val	Lys 540	Asp	Gly	Pro	Gly	Phe	Tyr	Thr	Thr	Arg	Cys	Leu	Ala	Pro 550	
a t g	a t g	t c t	g a a	g t c	a t c	c g a	a t c	c t c	c a g	g a a	g g a	g t t	g a c	c c g	a a g	1732
Met	Met 555	Ser	Glu	Val	Ile	Arg 560	Ile	Leu	Gln	Glu	Gly	Val	Asp	Pro	Lys	
a a g	c t g	g a t	t c c	c t g	a c c	a c a	a g c	t t t	g g c	t t t	c c t	g t g	g g t	g c c	g c c	1780
Lys	Leu	Asp	Ser	Leu	Thr 575	Thr	Ser	Phe	Gly	Phe	Pro	Val	Gly	Ala	Ala 585	
a c a	c t g	g t g	g a t	g a a	g t t	g g t	g t g	g a t	g t a	g c g	a a a	c a t	g t g	g c g	g a a	1828
Thr	Leu	Val	Asp	Glu 590	Val	Gly	Val	Asp	Val 595	Ala	Lys	His	Val	Ala	Glu 600	
g a t	c t g	g g c	a a a	g t c	t t t	g g g	g a g	c g g	t t t	g g a	g g t	g g a	a a c	c c a	g a a	1876
Asp	Leu	Gly	Lys 605	Val	Phe	Gly	Glu	Arg	Phe 610	Gly	Gly	Gly	Asn	Pro	Glu 615	

[illegible]

agccaaacac ataacaataa aaaccaaact ctgtgtcagc atctttgccc ttctggttta 2717
aacgcctcct tcaaaaagca atctggaaga aagccctgtg ctttggggga gtaagaatgt 2777
gtgtgcagaa ttctaggcag caccttaggg agggactggg atgagagaaa gtgggacctg 2837
gtgggctcaa ccacacacac ctgtctgtgc agatgcctttg cccaggcttc tcaccacggt 2897
gtaccgggat attaaacctc tttccccagc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2957
aaaaaa 2963

<210> 36
<211> 763
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 36

Met Val Ala Cys Arg Ala Ile Gly Ile Leu Ser Arg Phe Ser Ala Phe
1 5 10 15

Arg Ile Leu Arg Ser Arg Gly Tyr Ile Cys Arg Asn Phe Thr Gly Ser
20 25 30

Ser Ala Leu Leu Thr Arg Thr His Ile Asn Tyr Gly Val Lys Gly Asp
35 40 45

Val Ala Val Val Arg Ile Asn Ser Pro Asn Ser Lys Val Asn Thr Leu
50 55 60

Ser Lys Glu Leu His Ser Glu Phe Ser Glu Val Met Asn Glu Ile Trp
65 70 75 80

Ala Ser Asp Gln Ile Arg Ser Ala Val Leu Ile Ser Ser Lys Pro Gly
85 90 95

Cys Phe Ile Ala Gly Ala Asp Ile Asn Met Leu Ala Ala Cys Lys Thr
100 105 110

Leu Gln Glu Val Thr Gln Leu Ser Gln Glu Ala Gln Arg Ile Val Glu

115

120

125

Lys	Leu	Glu	Lys	Ser	Thr	Lys	Pro	Ile	Val	Ala	Ala	Ile	Asn	Gly	Ser
130						135			140						

Cys	Leu	Gly	Gly	Gly	Leu	Glu	Val	Ala	Ile	Ser	Cys	Gln	Tyr	Arg	Ile
145						150				155				160	

Ala	Thr	Lys	Asp	Arg	Lys	Thr	Val	Leu	Gly	Thr	Pro	Glu	Val	Leu	Leu
				165						170		175			

Gly	Ala	Leu	Pro	Gly	Ala	Gly	Gly	Thr	Gln	Arg	Leu	Pro	Lys	Met	Val
			180					185					190		

Gly	Val	Pro	Ala	Ala	Leu	Asp	Met	Met	Leu	Thr	Gly	Arg	Ser	Ile	Arg
		195				200						205			

Ala	Asp	Arg	Ala	Lys	Lys	Met	Gly	Leu	Val	Asp	Gln	Leu	Val	Glu	Pro
210						215				220					

Leu	Gly	Pro	Gly	Leu	Lys	Pro	Pro	Glu	Glu	Arg	Thr	Ile	Glu	Tyr	Leu
225				230						235				240	

Glu	Glu	Val	Ala	Ile	Thr	Phe	Ala	Lys	Gly	Leu	Ala	Asp	Lys	Lys	Ile
				245						250				255	

Ser	Pro	Lys	Arg	Asp	Lys	Gly	Leu	Val	Glu	Lys	Leu	Thr	Ala	Tyr	Ala
			260					265					270		

Met	Thr	Ile	Pro	Phe	Val	Arg	Gln	Gln	Val	Tyr	Lys	Lys	Val	Glu	Glu
		275				280						285			

Lys	Val	Arg	Lys	Gln	Thr	Lys	Gly	Leu	Tyr	Pro	Ala	Pro	Leu	Lys	Ile
290						295				300					

Ile	Asp	Val	Val	Lys	Thr	Gly	Ile	Glu	Gln	Gly	Ser	Asp	Ala	Gly	Tyr
305				310						315				320	

Leu Cys Glu Ser Gln Lys Phe Gly Glu Leu Val Met Thr Lys Glu Ser
325 330 335

Lys Ala Leu Met Gly Leu Tyr His Gly Gln Val Leu Cys Lys Lys Asn
340 345 350

Lys Phe Gly Ala Pro Gln Lys Asp Val Lys His Leu Ala Ile Leu Gly
355 360 365

Ala Gly Leu Met Gly Ala Gly Ile Ala Gln Val Ser Val Asp Lys Gly
370 375 380

Leu Lys Thr Ile Leu Lys Asp Ala Thr Leu Thr Ala Leu Asp Arg Gly
385 390 395 400

Gln Gln Gln Val Phe Lys Gly Leu Asn Asp Lys Val Lys Lys Lys Ala
405 410 415

Leu Thr Ser Phe Glu Arg Asp Ser Ile Phe Ser Asn Leu Thr Gly Gln
420 425 430

Leu Asp Tyr Gln Gly Phe Glu Lys Ala Asp Met Val Ile Glu Ala Val
435 440 445

Phe Glu Asp Leu Ser Leu Lys His Arg Val Leu Lys Glu Val Glu Ala
450 455 460

Val Ile Pro Asp His Cys Ile Phe Ala Ser Asn Thr Ser Ala Leu Pro
465 470 475 480

Ile Ser Glu Ile Ala Ala Val Ser Lys Arg Pro Glu Lys Val Ile Gly
485 490 495

Met His Tyr Phe Ser Pro Val Asp Lys Met Gln Leu Leu Glu Ile Ile
500 505 510

Thr Thr Glu Lys Thr Ser Lys Asp Thr Ser Ala Ser Ala Val Ala Val

515

520

525

Gly	Leu	Lys	Gln	Gly	Lys	Val	Ile	Ile	Val	Val	Lys	Asp	Gly	Pro	Gly
530						535					540				

Phe	Tyr	Thr	Thr	Arg	Cys	Leu	Ala	Pro	Met	Met	Ser	Glu	Val	Ile	Arg
545					550					555					560

Ile	Leu	Gln	Glu	Gly	Val	Asp	Pro	Lys	Lys	Leu	Asp	Ser	Leu	Thr	Thr
				565					570					575	

Ser	Phe	Gly	Phe	Pro	Val	Gly	Ala	Ala	Thr	Leu	Val	Asp	Glu	Val	Gly
			580					585					590		

Val	Asp	Val	Ala	Lys	His	Val	Ala	Glu	Asp	Leu	Gly	Lys	Val	Phe	Gly
		595					600					605			

Glu	Arg	Phe	Gly	Gly	Gly	Asn	Pro	Glu	Leu	Leu	Thr	Gln	Met	Val	Ser
610						615					620				

Lys	Gly	Phe	Leu	Gly	Arg	Lys	Ser	Gly	Lys	Gly	Phe	Tyr	Ile	Tyr	Gln
625					630					635					640

Glu	Gly	Val	Lys	Arg	Lys	Asp	Leu	Asn	Ser	Asp	Met	Asp	Ser	Ile	Leu
			645						650					655	

Ala	Ser	Leu	Lys	Leu	Pro	Pro	Lys	Ser	Glu	Val	Ser	Ser	Asp	Glu	Asp
			660					665					670		

Ile	Gln	Phe	Arg	Leu	Val	Thr	Arg	Phe	Val	Asn	Glu	Ala	Val	Met	Cys
		675					680					685			

Leu	Gln	Glu	Gly	Ile	Leu	Ala	Thr	Pro	Ala	Glu	Gly	Asp	Ile	Gly	Ala
690						695					700				

Val	Phe	Gly	Leu	Gly	Phe	Pro	Pro	Cys	Leu	Gly	Gly	Pro	Phe	Arg	Phe
705					710					715					720

Val Asp Leu Tyr Gly Ala Gln Lys Ile Val Asp Arg Leu Lys Lys Tyr

725730735

Glu Ala Ala Tyr Gly Lys Gln Phe Thr Pro Cys Gln Leu Leu Ala Asp

740745750

His Ala Asn Ser Pro Asn Lys Lys Phe Tyr Gln

755760

<210> 37

<211> 2438

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (45)..(1571)

<223>

<400> 37

cccgggcggcgc ccaaccgaag cgccccgcct gatccgtgtc cgac atg ctg cgc cgc

Met Leu Arg Arg

1

56

gct ctg ctg tgc ctg gcc gtg gcc gcc ctg gtg cgc gcc gac gcc ccc

Ala Leu Leu Cys Leu Ala Val Ala Ala Leu Val Arg Ala Asp Ala Pro

5101520

104

gag gag gag gac cac gtc ctg gtg ctg cgg aaa agc aac ttc gcg gag

Glu Glu Glu Asp His Val Leu Val Leu Arg Lys Ser Asn Phe Ala Glu

253035

152

gcg ctg gcg gcc cac aag tac ctg ctg gtg gag ttc tat gcc cct tgg

Ala Leu Ala Ala His Lys Tyr Leu Leu Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp

404550

200

tgt ggc cac tgc aag gct ctg gcc cct gag tat gcc aaa gcc gct ggg

Cys Gly His Cys Lys Ala Leu Ala Pro Glu Tyr Ala Lys Ala Ala Gly

556065

248

aag ctg aag gca gaa ggt tcc gag atc agg ttg gcc aag gtg gac gcc

Lys Leu Lys Ala Glu Gly Ser Glu Ile Arg Leu Ala Lys Val Asp Ala

707580

296

acg gag gag tct gac ctg gcc cag cag tac ggc gtg cgc ggc tat ccc

Thr Glu Glu Ser Asp Leu Ala Gln Gln Tyr Gly Val Arg Gly Tyr Pro

344

85					90					95					100		
acc atc aag ttc ttc agg aat gga gac acg gct tcc ccc aag gaa tat																392	
Thr Ile Lys Phe Phe Arg Asn Gly Asp Thr Ala Ser Pro Lys Glu Tyr																	
				105						110					115		
aca gct ggc aga gag gct gat gac atc gtg aac tgg ctg aag aag cgc																440	
Thr Ala Gly Arg Glu Ala Asp Asp Ile Val Asn Trp Leu Lys Lys Arg																	
			120						125					130			
acg ggc ccg gct gcc acc acc ctg cct gac ggc gca gct gca gag tcc																488	
Thr Gly Pro Ala Ala Thr Thr Leu Pro Asp Gly Ala Ala Ala Glu Ser																	
		135						140					145				
ttg gtg gag tcc agc gag gtg gct gtc atc ggc ttc ttc aag gac gtg																536	
Leu Val Glu Ser Ser Glu Val Ala Val Ile Gly Phe Phe Lys Asp Val																	
	150						155					160					
gag tcg gac tct gcc aag cag ttt ttg cag gca gca gag gcc atc gat																584	
Glu Ser Asp Ser Ala Lys Gln Phe Leu Gln Ala Ala Glu Ala Ile Asp																	
165					170					175						180	
gac ata cca ttt ggg atc act tcc aac agt gac gtg ttc tcc aaa tac																632	
Asp Ile Pro Phe Gly Ile Thr Ser Asn Ser Asp Val Phe Ser Lys Tyr																	
				185					190						195		
cag ctc gac aaa gat ggg gtt gtc ctc ttt aag aag ttt gat gaa ggc																680	
Gln Leu Asp Lys Asp Gly Val Val Leu Phe Lys Lys Phe Asp Glu Gly																	
			200					205						210			
cgg aac aac ttt gaa ggg gag gtc acc aag gag aac ctg ctg gac ttt																728	
Arg Asn Asn Phe Glu Gly Glu Val Thr Lys Glu Asn Leu Leu Asp Phe																	
		215						220					225				
atc aaa cac aac cag ctg ccc ctt gtc atc gag ttc acc gag cag aca																776	
Ile Lys His Asn Gln Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe Thr Glu Gln Thr																	
	230						235					240					
gcc ccg aag att ttt gga ggt gaa atc aag act cac atc ctg ctg ttc																824	
Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr His Ile Leu Leu Phe																	
245					250					255						260	
ttg ccc aag agt gtg tct gac tat gac ggc aaa ctg agc aac ttc aaa																872	
Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Tyr Asp Gly Lys Leu Ser Asn Phe Lys																	
				265					270					275			
aca gca gcc gag agc ttc aag ggc aag atc ctg ttc atc ttc atc gac																920	
Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe Ile Phe Ile Asp																	
			280					285					290				

agc	gac	cac	acc	gac	aac	cag	cgc	atc	ctc	gag	ttc	ttt	ggc	ctg	aag	968
Ser	Asp	His	Thr	Asp	Asn	Gln	Arg	Ile	Leu	Glu	Phe	Phe	Gly	Leu	Lys	
		295					300					305				
aag	gaa	gag	tgc	ccg	gcc	gtg	cgc	ctc	atc	acc	ctg	gag	gag	gag	atg	1016
Lys	Glu	Glu	Cys	Pro	Ala	Val	Arg	Leu	Ile	Thr	Leu	Glu	Glu	Glu	Met	
	310					315					320					
acc	aag	tac	aag	ccc	gaa	tcg	gag	gag	ctg	acg	gca	gag	agg	atc	aca	1064
Thr	Lys	Tyr	Lys	Pro	Glu	Ser	Glu	Glu	Leu	Thr	Ala	Glu	Arg	Ile	Thr	
325					330					335					340	
gag	ttc	tgc	cac	cgc	ttc	ctg	gag	ggc	aaa	atc	aag	ccc	cac	ctg	atg	1112
Glu	Phe	Cys	His	Arg	Phe	Leu	Glu	Gly	Lys	Ile	Lys	Pro	His	Leu	Met	
				345					350					355		
agc	cag	gag	ctg	ccg	gag	gac	tgg	gac	aag	cag	cct	gtc	aag	gtg	ctt	1160
Ser	Gln	Glu	Leu	Pro	Glu	Asp	Trp	Asp	Lys	Gln	Pro	Val	Lys	Val	Leu	
			360					365					370			
gtt	ggg	aag	aac	ttt	gaa	gac	gtg	gct	ttt	gat	gag	aaa	aaa	aac	gtc	1208
Val	Gly	Lys	Asn	Phe	Glu	Asp	Val	Ala	Phe	Asp	Glu	Lys	Lys	Asn	Val	
		375					380					385				
ttt	gtg	gag	ttc	tat	gcc	cca	tgg	tgt	ggc	cac	tgc	aaa	cag	ttg	gct	1256
Phe	Val	Glu	Phe	Tyr	Ala	Pro	Trp	Cys	Gly	His	Cys	Lys	Gln	Leu	Ala	
	390					395					400					
ccc	att	tgg	gat	aaa	ctg	gga	gag	acg	tac	aag	gac	cat	gag	aac	atc	1304
Pro	Ile	Trp	Asp	Lys	Leu	Gly	Glu	Thr	Tyr	Lys	Asp	His	Glu	Asn	Ile	
405					410					415					420	
gtc	atc	gcc	aag	atg	gac	tcg	act	gcc	aac	gag	gtg	gag	gcc	gtc	aaa	1352
Val	Ile	Ala	Lys	Met	Asp	Ser	Thr	Ala	Asn	Glu	Val	Glu	Ala	Val	Lys	
				425					430					435		
gtg	cac	agc	ttc	ccc	aca	ctc	aag	ttc	ttt	cct	gcc	agt	gcc	gac	agg	1400
Val	His	Ser	Phe	Pro	Thr	Leu	Lys	Phe	Phe	Pro	Ala	Ser	Ala	Asp	Arg	
			440					445					450			
acg	gtc	att	gat	tac	aac	ggg	gaa	cgc	acg	ctg	gat	ggc	ttt	aag	aaa	1448
Thr	Val	Ile	Asp	Tyr	Asn	Gly	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Gly	Phe	Lys	Lys	
		455					460					465				
ttc	ctg	gag	agc	ggc	ggc	cag	gat	ggg	gca	ggg	gat	gat	gac	gat	ctc	1496
Phe	Leu	Glu	Ser	Gly	Gly	Gln	Asp	Gly	Ala	Gly	Asp	Asp	Asp	Asp	Leu	
	470					475					480					
gag	gac	ctg	gaa	gaa	gca	gag	gag	cca	gac	atg	gag	gaa	gac	gat	gat	1544
Glu	Asp	Leu	Glu	Glu	Ala	Glu	Glu	Pro	Asp	Met	Glu	Glu	Asp	Asp	Asp	

485	490	495	500	
cag aaa gct gtg aaa gat gaa ctg taa tacgcaaagc cagacccggg				1591
Gln Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu				
	505			
cgctgccgag acccctcggg ggctgcacac ccagcagcag cgcacgcctc cgaagcctgc				1651
ggcctcgcctt gaaggaggggc gtcgccggaa acccagggaa cctctctgaa gtgacacctc				1711
acccctacac accgtccgtt cccccccgtc tcttccttct gcttttctcgtt ttttggaaag				1771
ggatccatct ccaggcagcc caccctgggtg gggccttgttt cctgaaacca tgatgtactt				1831
tttcatacat gagtctgtcc agagtgccttg ctaccgtgtt cggagtcctc ctgccctccct				1891
cccgcgggag gtttctcctc tttttgaaaa ttccgtctgt gggattttta gacatttttc				1951
gacatcaggg tatttgttcc accttggcca ggcctcctcgc gagaagcctg tcccccgtgt				2011
gggagggacg gagccggact ggacatgggtc actcagtacc gcctgcagtg tcgccatgac				2071
tgatcatggc tcttgcattt ttgggtataat ggagacttcc ggatcctgtc aggggtgtccc				2131
ccatgccctgg aagaggagct ggtggctgcc agccctggggg cccggcacag gccctgggcct				2191
tccccctccc tcaagccagg gctcctcctc ctgtcgtggg ctcatattgtga ccactggcct				2251
ctctacagca cggcctgtgg cctgtttcaag gcagaaccac gacccttgac tcccgggtgg				2311
ggaggtggcc aaggatgctg gagctgaatc agacgctgac agttcttcag gcattttctat				2371
ttcacaatcg aattgaacac attggccaaa taaagttgaa attttaccac caaaaaaaaa				2431
aaaaaaaa				2438

<210> 38
<211> 508
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 38

Met	Leu	Arg	Arg	Ala	Leu	Leu	Cys	Leu	Ala	Val	Ala	Ala	Leu	Val	Arg
1				5				10					15		

Ala	Asp	Ala	Pro	Glu	Glu	Glu	Asp	His	Val	Leu	Val	Leu	Arg	Lys	Ser
			20					25					30		

Asn	Phe	Ala	Glu	Ala	Leu	Ala	Ala	His	Lys	Tyr	Leu	Leu	Val	Glu	Phe
		35					40					45			
Tyr	Ala	Pro	Trp	Cys	Gly	His	Cys	Lys	Ala	Leu	Ala	Pro	Glu	Tyr	Ala
	50					55					60				
Lys	Ala	Ala	Gly	Lys	Leu	Lys	Ala	Glu	Gly	Ser	Glu	Ile	Arg	Leu	Ala
65					70					75					80
Lys	Val	Asp	Ala	Thr	Glu	Glu	Ser	Asp	Leu	Ala	Gln	Gln	Tyr	Gly	Val
				85					90					95	
Arg	Gly	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys	Phe	Phe	Arg	Asn	Gly	Asp	Thr	Ala	Ser
			100					105					110		
Pro	Lys	Glu	Tyr	Thr	Ala	Gly	Arg	Glu	Ala	Asp	Asp	Ile	Val	Asn	Trp
		115					120					125			
Leu	Lys	Lys	Arg	Thr	Gly	Pro	Ala	Ala	Thr	Thr	Leu	Pro	Asp	Gly	Ala
	130					135					140				
Ala	Ala	Glu	Ser	Leu	Val	Glu	Ser	Ser	Glu	Val	Ala	Val	Ile	Gly	Phe
145					150					155					160
Phe	Lys	Asp	Val	Glu	Ser	Asp	Ser	Ala	Lys	Gln	Phe	Leu	Gln	Ala	Ala
				165					170					175	
Glu	Ala	Ile	Asp	Asp	Ile	Pro	Phe	Gly	Ile	Thr	Ser	Asn	Ser	Asp	Val
			180					185					190		
Phe	Ser	Lys	Tyr	Gln	Leu	Asp	Lys	Asp	Gly	Val	Val	Leu	Phe	Lys	Lys
		195					200					205			
Phe	Asp	Glu	Gly	Arg	Asn	Asn	Phe	Glu	Gly	Glu	Val	Thr	Lys	Glu	Asn
	210					215					220				

Leu 225	Leu	Asp	Phe	Ile	Lys 230	His	Asn	Gln	Leu	Pro 235	Leu	Val	Ile	Glu	Phe 240
Thr	Glu	Gln	Thr	Ala 245	Pro	Lys	Ile	Phe	Gly 250	Gly	Glu	Ile	Lys	Thr	His 255
Ile	Leu	Leu	Phe 260	Leu	Pro	Lys	Ser	Val 265	Ser	Asp	Tyr	Asp	Gly 270	Lys	Leu
Ser	Asn	Phe 275	Lys	Thr	Ala	Ala	Glu 280	Ser	Phe	Lys	Gly	Lys 285	Ile	Leu	Phe
Ile 290	Phe	Ile	Asp	Ser	Asp	His 295	Thr	Asp	Asn	Gln	Arg 300	Ile	Leu	Glu	Phe
Phe 305	Gly	Leu	Lys	Lys	Glu 310	Glu	Cys	Pro	Ala	Val 315	Arg	Leu	Ile	Thr	Leu 320
Glu	Glu	Glu	Met	Thr 325	Lys	Tyr	Lys	Pro	Glu 330	Ser	Glu	Glu	Leu	Thr	Ala 335
Glu	Arg	Ile	Thr 340	Glu	Phe	Cys	His	Arg 345	Phe	Leu	Glu	Gly	Lys 350	Ile	Lys
Pro	His	Leu 355	Met	Ser	Gln	Glu	Leu 360	Pro	Glu	Asp	Trp	Asp 365	Lys	Gln	Pro
Val 370	Lys	Val	Leu	Val	Gly 375	Lys	Asn	Phe	Glu	Asp	Val 380	Ala	Phe	Asp	Glu
Lys 385	Lys	Asn	Val	Phe	Val 390	Glu	Phe	Tyr	Ala	Pro 395	Trp	Cys	Gly	His	Cys 400
Lys	Gln	Leu	Ala	Pro 405	Ile	Trp	Asp	Lys	Leu 410	Gly	Glu	Thr	Tyr	Lys	Asp 415
His	Glu	Asn	Ile 420	Val	Ile	Ala	Lys	Met 425	Asp	Ser	Thr	Ala	Asn 430	Glu	Val

GluAlaValLysValHisSerPheProThrLeuLysPhePheProAla

435440445

SerAlaAspArgThrValIleAspTyrAsnGlyGluArgThrLeuAsp

450455460

GlyPheLysLysPheLeuGluSerGlyGlyGlnAspGlyAlaGlyAsp

465470475480

AspAspAspLeuGluAspLeuGluGluAlaGluGluProAspMetGlu

485490495

GluAspAspAspGlnLysAlaValLysAspGluLeu

500505

<210>39

<211>959

<212>DNA

<213>Homo sapiens

<220>

<221>CDS

<222>(120)..(764)

<223>

<400>39

gcagtggaaggcggccccaggcccgcccttccgcaggggtgtcgcgcgtgtgccgctagcgggtg60

ccccgcctgctgcggtggcaccagccaggaggcgggagtggaaagtggccgtggggcggggt119

atgggacta gctggcgtgtgcgccctgagacgc tca gcgggc tatata167

MetGlyLeuAlaGlyValCysAlaLeuArgArgSerAlaGlyTyrIle115

ctcgtcgggtggggccggcgggtcagtcctgcgggca gcg gca gca aga cgg215

LeuValGlyGlyAlaGlyGlyGlnSerAlaAlaAlaAlaAlaArgArg202530

tgcagtgaa gga gag tgg gcgtctggcggtggcgagttcttcagcaga263

CysSerGluGlyGluTrpAlaSerGlyGlyValArgSerPheSerArg354045

gccgctgcagccatggccccaatcaaggtgggagatgccatccca gca311

Ala Ala Ala Ala Met Ala Pro Ile Lys Val Gly Asp Ala Ile Pro Ala
50 55 60

g t g	g a g	g t g	t t t	g a a	g g g	g a g	c c a	g g g	a a c	a a g	g t g	a a c	c t g	g c a	g a g	3 5 9
Val	Glu	Val	Phe	Glu	Gly	Glu	Pro	Gly	Asn	Lys	Val	Asn	Leu	Ala	Glu	
6 5					7 0					7 5					8 0	

c t g t t c a a g g g c a a g a a g g g t g t g c t g t t t g g a g t t c c t g g g g c c t t c 407
Leu Phe Lys Gly Lys Lys Gly Val Leu Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe
85 90 95

acc cct gga tgt tcc aag aca cac ctg cca ggg ttt gtg gag cag gct 455
Thr Pro Gly Cys Ser Lys Thr His Leu Pro Gly Phe Val Glu Gln Ala
100 105 110

gag gct ctg aag gcc aag gga gtc cag gtg gtg gcc tgt ctg agt gtt 503
Glu Ala Leu Lys Ala Lys Gly Val Gln Val Val Ala Cys Leu Ser Val
115 120 125

aat gat gcc ttt gtg act ggc gag tgg ggc cga gcc cac aag gcg gaa 551
Asn Asp Ala Phe Val Thr Gly Glu Trp Gly Arg Ala His Lys Ala Glu
130 135 140

[illegible]

a c a g a c t t a t t a c t a g a t g a t t c g c t g g t g t c c a t c t t t g g g a a t c g a 647
Thr Asp Leu Leu Leu Asp Asp Ser Leu Val Ser Ile Phe Gly Asn Arg
 165 170 175

cgt ctc aag agg ttc tcc atg gtg gta cag gat ggc ata gtg aag gcc 695
Arg Leu Lys Arg Phe Ser Met Val Val Gln Asp Gly Ile Val Lys Ala
180 185 190

c t g	a a t	g t g	g a a	c c a	g a t	g g c	a c a	g g c	c t c	a c c	t g c	a g c	c t g	g c a	c c c	743
Leu	Asn	Val	Glu	Pro	Asp	Gly	Thr	Gly	Leu	Thr	Cys	Ser	Leu	Ala	Pro	
		195					200					205				

a a t a t c a t c t c a c a g c t c t g a g g c c c t g g g c c a g a t t a c t t c c t c c a c c c c 794
 A s n I l e I l e S e r G l n L e u
 210

t c c c t a t c t c a c c t g c c c a g c c c t g t g c t g g g g c c c t g c a a t t g g a a t g t t g g c c a g a t t 854

t c t g c a a t a a a c a c t t g t g g t t t g c g g c c a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a 914

a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a a

9 5 9

<210> 40
<211> 214
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 40

Met Gly Leu Ala Gly Val Cys Ala Leu Arg Arg Ser Ala Gly Tyr Ile
1 5 10 15

Leu Val Gly Gly Ala Gly Gly Gln Ser Ala Ala Ala Ala Ala Arg Arg
20 25 30

Cys Ser Glu Gly Glu Trp Ala Ser Gly Gly Val Arg Ser Phe Ser Arg
35 40 45

Ala Ala Ala Ala Met Ala Pro Ile Lys Val Gly Asp Ala Ile Pro Ala
50 55 60

Val Glu Val Phe Glu Gly Glu Pro Gly Asn Lys Val Asn Leu Ala Glu
65 70 75 80

Leu Phe Lys Gly Lys Lys Gly Val Leu Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe
85 90 95

Thr Pro Gly Cys Ser Lys Thr His Leu Pro Gly Phe Val Glu Gln Ala
100 105 110

Glu Ala Leu Lys Ala Lys Gly Val Gln Val Val Ala Cys Leu Ser Val
115 120 125

Asn Asp Ala Phe Val Thr Gly Glu Trp Gly Arg Ala His Lys Ala Glu
130 135 140

Gly Lys Val Arg Leu Leu Ala Asp Pro Thr Gly Ala Phe Gly Lys Glu
145 150 155 160

Thr Asp Leu Leu Leu Asp Asp Ser Leu Val Ser Ile Phe Gly Asn Arg
165 170 175

Arg Leu Lys Arg Phe Ser Met Val Val Gln Asp Gly Ile Val Lys Ala
180 185 190

Leu Asn Val Glu Pro Asp Gly Thr Gly Leu Thr Cys Ser Leu Ala Pro
195 200 205

Asn Ile Ile Ser Gln Leu
210

<210> 41
<211> 1874
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (7)..(678)
<223>

<400> 41
ccgggtg atg gcg gct ggt gat ggg gac gtg aag cta ggc acc ctg ggg 48
Met Ala Ala Gly Asp Gly Asp Val Lys Leu Gly Thr Leu Gly
1 5 10

agt ggc agc gag agc agc aac gac ggc ggc agc gag agt cca ggc gac 96
Ser Gly Ser Glu Ser Ser Asn Asp Gly Gly Ser Glu Ser Pro Gly Asp
15 20 25 30

gcg gga gcg gca gcg gaa ggg gga ggc tgg gcg gcg gcg gcg ttg gcg 144
Ala Gly Ala Ala Ala Glu Gly Gly Gly Trp Ala Ala Ala Ala Leu Ala
35 40 45

ctt ctg acg ggg ggc ggg gaa atg ctg ctg aac gtg gcg ctg gtg gct 192
Leu Leu Thr Gly Gly Gly Glu Met Leu Leu Asn Val Ala Leu Val Ala
50 55 60

ctg gtg ctg ctg ggg gcc tac cgg ctg tgg gtg cgc tgg ggg cgg cgg 240
Leu Val Leu Leu Gly Ala Tyr Arg Leu Trp Val Arg Trp Gly Arg Arg
65 70 75

ggt ctg ggg gcc ggg gcc ggg gcg ggc gag gag agc ccc gcc acc tct 288
Gly Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Glu Glu Ser Pro Ala Thr Ser
80 85 90

ctg cct cgc atg aag aag cgg gac ttc agc ttg gag cag ctg cgc cag 336
Leu Pro Arg Met Lys Lys Arg Asp Phe Ser Leu Glu Gln Leu Arg Gln

95		100		105		110	
tac gac ggc tcc cgc aac ccg cgc atc ctg ctc gcg gtc aat ggg aaa	384						
Tyr Asp Gly Ser Arg Asn Pro Arg Ile Leu Leu Ala Val Asn Gly Lys							
		115		120		125	
gtc ttc gac gtg acc aaa ggc agc aag ttc tac ggc ccg gcg ggt cca	432						
Val Phe Asp Val Thr Lys Gly Ser Lys Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Pro							
		130		135		140	
tat gga ata ttt gct ggt agg gat gcc tcc aga gga ctg gcc aca ttt	480						
Tyr Gly Ile Phe Ala Gly Arg Asp Ala Ser Arg Gly Leu Ala Thr Phe							
		145		150		155	
tgc cta gat aaa gat gca ctt aga gat gaa tat gat gat ctc tca gat	528						
Cys Leu Asp Lys Asp Ala Leu Arg Asp Glu Tyr Asp Asp Leu Ser Asp							
		160		165		170	
ttg aat gca gta caa atg gag agt gtt cga gaa tgg gaa atg cag ttt	576						
Leu Asn Ala Val Gln Met Glu Ser Val Arg Glu Trp Glu Met Gln Phe							
175		180		185		190	
aaa gaa aaa tat gat tat gta ggc aga ctc cta aaa cca gga gaa gaa	624						
Lys Glu Lys Tyr Asp Tyr Val Gly Arg Leu Leu Lys Pro Gly Glu Glu							
		195		200		205	
cca tca gaa tat aca gat gaa gaa gat acc aag gat cac aat aaa cag	672						
Pro Ser Glu Tyr Thr Asp Glu Glu Asp Thr Lys Asp His Asn Lys Gln							
		210		215		220	
gat tga actttgtaaa caaccaaagt caggggcctt cagaactgca attccttactc	728						
Asp							
ccttttcacag actgtccgga gtcttttgggt ttgattcacc tgctgcgaaa aacattcaac	788						
aaattgtgta caagataaat taatctcact atgaagattt gaataaactag acattattta	848						
tgctgccaaa ctcatTTgtt gcagttgttt gtaatgtcta gtggggcctt atcatcctga	908						
aaagaaggag acagggatTT ttttaaagag caagaaagtc acaatatattac ttcttttcctt	968						
ccttttttcc ttcttttcctt tcttcttttct ctttcttttct ttttaaaaata tattgaagac	1028						
aaccagatat gtatTTgcta ctcaagtgta cagatctcct caagaaacat caagggactc	1088						
ctgtgtcaca tactgtgttt ttatTTtaac atgggtgagg gaggcgacct gatcagggga	1148						
ggTgggggta cacatcaatt tgagttgttc aggctactga aacattaaaa tgtgaattcc	1208						

caaaccttttc tttttggcctt tgtcaggggaa aagaaaaata tctttataaaa gaaatctttg 1268
gaaattagga gaaggaatctt cagggtgggtt taagtcagag ctagttcccc aacagaaaga 1328
tcatttgaaa ccagtttttta tcccttctctt ttccttccct ttccttaaat caaatcaata 1388
ttaattgtgc cttattttcac ttaacataga cttgaattat ttttagggaa agccccata 1448
atgaattcag aaatcactac aagcagcatt aagactgaag ttggaatat tctgttgacca 1508
taaaaccttg atatcattct gtgtatatag aatgtaaaag gaataattaca gtgtttaactg 1568
ccatatatgt aatatacaca aactcaatta gcattgtaat ggccaaatgc attcccccat 1628
gcttttctgt tttcaaaaaa attgaaaaac aaatcaactc ttatcccca cagctgccta 1688
attttaggag tctgaccctc cacatctcac tgggtgtgggt gcatggggct gtggagtggg 1748
tgtcagtatg gatgtgtctg aatgtgtgag gccttggaag ggactctttc tgcagatact 1808
gtaaatacaa gtaccatttt aataaagcat gtacaataaa ccaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1868
aaaaaa 1874

<210> 42
<211> 223
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 42

Met Ala Ala Gly Asp Gly Asp Val Lys Leu Gly Thr Leu Gly Ser Gly
1 5 10 15
Ser Glu Ser Ser Asn Asp Gly Gly Ser Glu Ser Pro Gly Asp Ala Gly
20 25 30
Ala Ala Ala Glu Gly Gly Gly Trp Ala Ala Ala Ala Leu Ala Leu Leu
35 40 45
Thr Gly Gly Gly Glu Met Leu Leu Asn Val Ala Leu Val Ala Leu Val
50 55 60
Leu Leu Gly Ala Tyr Arg Leu Trp Val Arg Trp Gly Arg Arg Gly Leu
65 70 75 80

Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Glu Glu Ser Pro Ala Thr Ser Leu Pro
85 90 95

Arg Met Lys Lys Arg Asp Phe Ser Leu Glu Gln Leu Arg Gln Tyr Asp
100 105 110

Gly Ser Arg Asn Pro Arg Ile Leu Leu Ala Val Asn Gly Lys Val Phe
115 120 125

Asp Val Thr Lys Gly Ser Lys Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Pro Tyr Gly
130 135 140

Ile Phe Ala Gly Arg Asp Ala Ser Arg Gly Leu Ala Thr Phe Cys Leu
145 150 155 160

Asp Lys Asp Ala Leu Arg Asp Glu Tyr Asp Asp Leu Ser Asp Leu Asn
165 170 175

Ala Val Gln Met Glu Ser Val Arg Glu Trp Glu Met Gln Phe Lys Glu
180 185 190

Lys Tyr Asp Tyr Val Gly Arg Leu Leu Lys Pro Gly Glu Glu Pro Ser
195 200 205

Glu Tyr Thr Asp Glu Glu Asp Thr Lys Asp His Asn Lys Gln Asp
210 215 220

<210> 43
<211> 3795
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (236)..(1633)
<223>

<400> 43
cagcggcgggt ggcccaggta gaggggtccg cgctggcggc ggcggcggcg ctgttccccg 60

c g c g g t c c g c	g g a g c g g g g t	c c g g g c t g c g	c g a c g t g g g g	c g g c g g c g g c	a c t g c g g c c c	120
c g g c c c a a g c	c c g a c c c c g g	g t c c c c t c c t	c g g c c g c c c c	c c g c c c g g c c	g c c c g c c c t c	180
g g g c c t c c c c	c c g g g c c c t c	g g t c c c c t c c	c c c g c t g g c g	g g g c c c g g a c	a g a a g a t g	238
					Met	
					1	
g t g c a g a a g a a a c c a g c c g a a c t t c a g g g t t t c c a c c g t t c g t t c a a g	286					
Val Gln Lys Lys Pro Ala Glu Leu Gln Gly Phe His Arg Ser Phe Lys						
5 10 15						
g g g c a g a a c c c c t t c g a g c t g g c c t t c t c c c t a g a c c a g c c c g a c c a c	334					
Gly Gln Asn Pro Phe Glu Leu Ala Phe Ser Leu Asp Gln Pro Asp His						
20 25 30						
g g a g a c t c t g a c t t t g g c c t g c a g t g c t c a g c c c c c t g a c a t g c c c	382					
Gly Asp Ser Asp Phe Gly Leu Gln Cys Ser Ala Arg Pro Asp Met Pro						
35 40 45						
g c c a g c c a g c c c a t t g a c a t c c c g g a c g c c a a g a a g a g g g g c a a g a a g	430					
Ala Ser Gln Pro Ile Asp Ile Pro Asp Ala Lys Lys Arg Gly Lys Lys						
50 55 60 65						
a a g a a g c g c g g c c g g g c c a c c g a c a g c t t c t c g g g c a g g t t t g a a g a c	478					
Lys Lys Arg Gly Arg Ala Thr Asp Ser Phe Ser Gly Arg Phe Glu Asp						
70 75 80						
g t c t a c c a g c t g c a g g a a g a t g t g c t g g g g a g g g c g c t c a t g c c c g a	526					
Val Tyr Gln Leu Gln Glu Asp Val Leu Gly Glu Gly Ala His Ala Arg						
85 90 95						
g t g c a g a c c t g c a t c a a c c t g a t c a c c a g c c a g g a g t a c g c c g t c a a g	574					
Val Gln Thr Cys Ile Asn Leu Ile Thr Ser Gln Glu Tyr Ala Val Lys						
100 105 110						
a t c a t t g a g a a g c a g c c a g g c c a c a t t c g g a g c a g g g t t t t t c a g g g a g	622					
Ile Ile Glu Lys Gln Pro Gly His Ile Arg Ser Arg Val Phe Arg Glu						
115 120 125						
g t g g a g a t g c t g t a c c a g t g c c a g g g a c a c a g g a a c g t c c t a g a g c t g	670					
Val Glu Met Leu Tyr Gln Cys Gln Gly His Arg Asn Val Leu Glu Leu						
130 135 140 145						
a t t g a g t t c t t c g a g g a g g a g g a c c g c t t c t a c c t g g t g t t t g a g a a g	718					
Ile Glu Phe Phe Glu Glu Glu Asp Arg Phe Tyr Leu Val Phe Glu Lys						
150 155 160						
a t g c g g g g a g g c t c c a t c c t g a g c c a c a t c c a c a a g c g c c g g c a c t t c	766					

Met	Arg	Gly	Gly	Ser	Ile	Leu	Ser	His	Ile	His	Lys	Arg	Arg	His	Phe	
			165					170					175			
aac	gag	ctg	gag	gcc	agc	gtg	gtg	gtg	cag	gac	gtg	gcc	agc	gcc	ttg	814
Asn	Glu	Leu	Glu	Ala	Ser	Val	Val	Val	Gln	Asp	Val	Ala	Ser	Ala	Leu	
		180					185					190				
gac	ttt	ctg	cat	aac	aaa	ggc	atc	gcc	cac	agg	gac	cta	aag	ccg	gaa	862
Asp	Phe	Leu	His	Asn	Lys	Gly	Ile	Ala	His	Arg	Asp	Leu	Lys	Pro	Glu	
	195					200					205					
aac	atc	ctc	tgt	gag	cac	ccc	aac	cag	gtc	tcc	ccc	gtg	aag	atc	tgt	910
Asn	Ile	Leu	Cys	Glu	His	Pro	Asn	Gln	Val	Ser	Pro	Val	Lys	Ile	Cys	
210					215					220					225	
gac	ttc	gac	ctg	ggc	agc	ggc	atc	aaa	ctc	aac	ggg	gac	tgc	tcc	cct	958
Asp	Phe	Asp	Leu	Gly	Ser	Gly	Ile	Lys	Leu	Asn	Gly	Asp	Cys	Ser	Pro	
				230					235					240		
atc	tcc	acc	ccg	gag	ctg	ctc	act	ccg	tgc	ggc	tcg	gcg	gag	tac	atg	1006
Ile	Ser	Thr	Pro	Glu	Leu	Leu	Thr	Pro	Cys	Gly	Ser	Ala	Glu	Tyr	Met	
			245					250					255			
gcc	ccg	gag	gta	gtg	gag	gcc	ttc	agc	gag	gag	gct	agc	atc	tac	gac	1054
Ala	Pro	Glu	Val	Val	Glu	Ala	Phe	Ser	Glu	Glu	Ala	Ser	Ile	Tyr	Asp	
		260					265					270				
aag	cgc	tgc	gac	ctg	tgg	agc	ctg	ggc	gtc	atc	ttg	tat	atc	cta	ctc	1102
Lys	Arg	Cys	Asp	Leu	Trp	Ser	Leu	Gly	Val	Ile	Leu	Tyr	Ile	Leu	Leu	
	275					280					285					
agc	ggc	tac	ccg	ccc	ttc	gtg	ggc	cgc	tgt	ggc	agc	gac	tgc	ggc	tgg	1150
Ser	Gly	Tyr	Pro	Pro	Phe	Val	Gly	Arg	Cys	Gly	Ser	Asp	Cys	Gly	Trp	
290					295					300					305	
gac	cgc	ggc	gag	gcc	tgc	cct	gcc	tgc	cag	aac	atg	ctg	ttt	gag	agc	1198
Asp	Arg	Gly	Glu	Ala	Cys	Pro	Ala	Cys	Gln	Asn	Met	Leu	Phe	Glu	Ser	
				310					315					320		
atc	cag	gag	ggc	aag	tac	gag	ttc	ccc	gac	aag	gac	tgg	gcc	cac	atc	1246
Ile	Gln	Glu	Gly	Lys	Tyr	Glu	Phe	Pro	Asp	Lys	Asp	Trp	Ala	His	Ile	
			325					330					335			
tcc	tgc	gct	gcc	aaa	gac	ctc	atc	tcc	aag	ctg	ctg	gtc	cgt	gac	gcc	1294
Ser	Cys	Ala	Ala	Lys	Asp	Leu	Ile	Ser	Lys	Leu	Leu	Val	Arg	Asp	Ala	
		340					345					350				
aag	cag	agg	ctg	agt	gcc	gcc	caa	gtc	ctg	cag	cac	ccc	tgg	gtt	cag	1342
Lys	Gln	Arg	Leu	Ser	Ala	Ala	Gln	Val	Leu	Gln	His	Pro	Trp	Val	Gln	
	355					360					365					

[illegible]

aggcctgaga	cagcaggagc	cccgccctggc	ccgaagccgt	ttccaccgca	gcaggcagag	2463
gggctggaca	ggcactgtca	gccaatgtgg	ggggtcctga	agacaccccc	ttggggcacc	2523
cgagtgcgcc	ttctcagggc	tcagttctgac	cgtagccacg	tcctgcctcg	cgccgccccct	2583
cggggcctgac	ctggaagctc	cgtcagctcc	gtccttgctc	ttagagctga	gcccagaccc	2643
cgggggtctgg	ccgaatcctc	acccccaggg	cagtgttttt	ggcttgccac	cttcaggaaa	2703
acggctgcgg	cctcggcctc	ccttcggggca	cccagggaatg	cgggggtctg	ctcagtcgcc	2763
ccacccctcca	tgctccaacc	cccggggggct	gcggagccctg	ctgccccctc	cccgcggggtg	2823
gggacgttct	atgcaataca	gggttccact	ttagaagtgc	gcgcggctag	ggtcaccgcc	2883
cgccttcccc	ggcgcagccc	ccgagctcca	cagctggggc	agccccctctg	gcttctaaat	2943
ccgcggctcgg	gattcttccct	cctgttttagt	tttttagttt	ttccttaaaa	aaaaacaaaa	3003
categatgga	ctttgcttcc	ctgtttcttga	agaatacttg	aatgtcgggg	ggcctggggg	3063
tggggggcctc	ggagaccgtc	tgccctggccc	tgctgccccct	cctgaatctc	gtatgatggt	3123
cacagtcagg	tggccgtggg	ggtgctctgc	cttccctgggt	ccccactgcc	catatctgtg	3183
gactgccccct	tccaaagacc	cctgggggggg	gtgggggcatt	ccgcccaccc	ctttccccca	3243
tcacttctcg	cctgtcagtg	attccatgtt	tcgtaacggg	ggattctctg	ccttttttgta	3303
tcaaagaaca	agcaaatgga	cccccgccccg	ctgcaggcgc	ccatagccat	cgggtctcta	3363
aagctgagtg	gctagcagcg	tttgttttgtt	tgttttttttt	tttttttctg	aaggctgggac	3423
agtcacttcc	tcctccctcc	ccacccctgt	cgcattccacg	tgcgacctgg	aggactggtc	3483
agaaccgtta	ctgtgaatga	gtgaagatcc	tggaggaccc	tggggccccag	gccagctccc	3543
atcgctgggg	gacggtgaaac	ggccatgtgt	taatgttacg	atgttttttaa	aagacaaaaa	3603
aaaaaaaaaaa	acctcaaaag	ttttttttaaa	gtgggggaaa	aacatccaag	cacttttaatt	3663
ccaatgtacc	aggatgaactg	acggagctca	gaagtttttcc	tttacaccaa	ctgtcaatgc	3723
cggaaattttg	tattctgttt	tgtaaaagatt	taataaaaagt	caaaaaactt	gcaaaaaaaa	3783
aaaaaaaaaaa	aa					3795

<210> 44
<211> 465
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 44

Met Val Gln Lys Lys Pro Ala Glu Leu Gln Gly Phe His Arg Ser Phe
1 5 10 15

Lys Gly Gln Asn Pro Phe Glu Leu Ala Phe Ser Leu Asp Gln Pro Asp
20 25 30

His Gly Asp Ser Asp Phe Gly Leu Gln Cys Ser Ala Arg Pro Asp Met
35 40 45

Pro Ala Ser Gln Pro Ile Asp Ile Pro Asp Ala Lys Lys Arg Gly Lys
50 55 60

Lys Lys Lys Arg Gly Arg Ala Thr Asp Ser Phe Ser Gly Arg Phe Glu
65 70 75 80

Asp Val Tyr Gln Leu Gln Glu Asp Val Leu Gly Glu Gly Ala His Ala
85 90 95

Arg Val Gln Thr Cys Ile Asn Leu Ile Thr Ser Gln Glu Tyr Ala Val
100 105 110

Lys Ile Ile Glu Lys Gln Pro Gly His Ile Arg Ser Arg Val Phe Arg
115 120 125

Glu Val Glu Met Leu Tyr Gln Cys Gln Gly His Arg Asn Val Leu Glu
130 135 140

Leu Ile Glu Phe Phe Glu Glu Glu Asp Arg Phe Tyr Leu Val Phe Glu
145 150 155 160

Lys Met Arg Gly Gly Ser Ile Leu Ser His Ile His Lys Arg Arg His
165 170 175

Phe	Asn	Glu	Leu	Glu	Ala	Ser	Val	Val	Val	Gln	Asp	Val	Ala	Ser	Ala
			180					185					190		

Leu	Asp	Phe	Leu	His	Asn	Lys	Gly	Ile	Ala	His	Arg	Asp	Leu	Lys	Pro
		195					200					205			

Glu	Asn	Ile	Leu	Cys	Glu	His	Pro	Asn	Gln	Val	Ser	Pro	Val	Lys	Ile
	210					215					220				

Cys	Asp	Phe	Asp	Leu	Gly	Ser	Gly	Ile	Lys	Leu	Asn	Gly	Asp	Cys	Ser
225					230					235					240

Pro	Ile	Ser	Thr	Pro	Glu	Leu	Leu	Thr	Pro	Cys	Gly	Ser	Ala	Glu	Tyr
				245					250					255	

Met	Ala	Pro	Glu	Val	Val	Glu	Ala	Phe	Ser	Glu	Glu	Ala	Ser	Ile	Tyr
			260					265					270		

Asp	Lys	Arg	Cys	Asp	Leu	Trp	Ser	Leu	Gly	Val	Ile	Leu	Tyr	Ile	Leu
		275					280					285			

Leu	Ser	Gly	Tyr	Pro	Pro	Phe	Val	Gly	Arg	Cys	Gly	Ser	Asp	Cys	Gly
	290					295					300				

Trp	Asp	Arg	Gly	Glu	Ala	Cys	Pro	Ala	Cys	Gln	Asn	Met	Leu	Phe	Glu
305					310					315					320

Ser	Ile	Gln	Glu	Gly	Lys	Tyr	Glu	Phe	Pro	Asp	Lys	Asp	Trp	Ala	His
				325					330					335	

Ile	Ser	Cys	Ala	Ala	Lys	Asp	Leu	Ile	Ser	Lys	Leu	Leu	Val	Arg	Asp
			340					345					350		

Ala	Lys	Gln	Arg	Leu	Ser	Ala	Ala	Gln	Val	Leu	Gln	His	Pro	Trp	Val
		355					360					365			

Gln	Gly	Cys	Ala	Pro	Glu	Asn	Thr	Leu	Pro	Thr	Pro	Met	Val	Leu	Gln
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

370

375

380

Arg Asn Ser Cys Ala Lys Asp Leu Thr Ser Phe Ala Ala Glu Ala Ile
385 390 395 400

Ala Met Asn Arg Gln Leu Ala Gln His Asp Glu Asp Leu Ala Glu Glu
405 410 415

Glu Ala Ala Gly Gln Gly Gln Pro Val Leu Val Arg Ala Thr Ser Arg
420 425 430

Cys Leu Gln Leu Ser Pro Pro Ser Gln Ser Lys Leu Ala Gln Arg Arg
435 440 445

Gln Arg Ala Ser Leu Ser Ser Ala Pro Val Val Leu Val Gly Asp His
450 455 460

Ala
465

<210> 45
<211> 631
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 45
gagggtgaggg gcgcctctgc ccggccgccc ctactgggaa gtgaggagcc cctctgcctg 60
gccagccgcc ccgtccggga gggcgggtggg ggggtcagcc cccctcccgg ccagccgccc 120
catctgggag gtgaggggca cttctgccgg gccgccccta ctgggaagtg aggagccct 180
ctgcccggcc acgaccccg tctgggaggtg tgcccagcgg ctcatctgggg atgggccatg 240
atgacaatgg cggtttttgtg gaatagaaag gcgggaaggg tggggaaaaa attgagaaat 300
cggatggttg cgggggtctgt gtggatagaa gtagacatgg gagacttttc attttgttct 360
gtactaagaa aaattcttct gccttgggat cctgttgatc tgtgacctta tccccaaacc 420
tgtgctctct gaaacatgtg ctgtgtccac tcagggttaa atggattaag ggcggtgcaa 480
gatgtgcttt gttaaacaga tgcttgaagg cagcatgctc gttaagagtc atcaccactc 540

c c t a a t c t t a a g t a c c c a g g g a c a c a a a c a c t g c g g a a g g c c g c a g g g t c c t c t g c c t a g 6 0 0

g a a a a c c a g a g a c c t t t g t t c a c t t g t t a t c 6 3 1

<210> 46
<211> 472
<212> DNA
<213> Homo s a p i e n s

<400> 46

t a c t g g g a a g t g a g g a a c c c c t c t g c c c g g c c a g c c g c c c c g t c c g g g a g g g a g g t g g g g 6 0

g g a t c a g c c c c c c g c c t g g c a g c c g c c c c g t c c g g g a g g t g a g g g g c g c c t c t g c c c g g c 1 2 0

c g c c c c t a c t g g g a a g t g a g g a g c c c c t c t g c c c g g c c a g c c g c c c c g t c c g g g a g g g a g 1 8 0

g t g g g g g g g t c a g c c g c c g c c c g t c c g g g a c c t a g c t g g g c a c c g a t g g g c c g g c a c g g g 2 4 0

t a c g g t g g c a g g a a g c g t c a g g c g a g c g a a g t g c g c g t a a c a g t g c c a g c g a c g a c g a g a 3 0 0

c g a g c a a a g g t a g t g c c g a g t g c c a g t a c a t g a t g c c a t c c t c a g a c g a t g g g a g g c g g t 3 6 0

g t c g a c g a c c c g c g c g c t g t a c t g a g c a a c a g g g t a c a c t a a g a a t a c a a c a g t g g g t c g 4 2 0

c a g t g c c t a t g a g a g a a t a a g t g a t g a c g c g t g t c g a g c g a t t g t a c c c a g a 4 7 2

<210> 47
<211> 7026
<212> DNA
<213> Homo s a p i e n s

<220>
<221> CDS
<222> (420).. (5045)
<223>

<400> 47

g a c a c g c a c g c a c c c g g g c g c c g a a g g g a a a g c c g c g t c t c g c c c t c c c g c c c c g c c g t c 6 0

g g t c c t g t c t c a g t c c c t c a g c a g a g c g g g a a a g c g g a g g c c g g a g c c g t g a c c t c t g a c 1 2 0

c c c g t g g t t a t g c g g a g c c g c c g c a t t c c t t a g c g a t c g c g g g g c a g c c g c c g c t g c c g c 1 8 0

c g t g g g c g a c t g a c g c a g c g c g g g c g c g t g g a g c c g c c g c c g c c c c t c c c c c a c c g c c g c 2 4 0

t c t c g c g c c a g c c g g t c c c c g c g t g c c c g c c c c t t c t c c c c g g c c g c a c c c g a g a c c t c g 3 0 0

c g c g c c g c c g	c t g c c a c g c g	c c c c c c c c a c	c g c c g c c g c c	g c c c c a g c c c	c g c g c c a c c g	360
c c c c a g c c c g	c c c a g c c c g g	a g g t c c c g c g	t g g a g c t g c c	g c c g c c g c c g	g g g a g a a g g	419
a t g a a g g a c a a a c a g a a g a a g a a g a a g g a g c g c a c g t g g g c c g a g g c c	Met Lys Asp Lys Gln Lys Lys Lys Lys Lys Glu Arg Thr Trp Ala Glu Ala	15	467			
g c g c g c c t g g t a t t a g a a a a c t a c t c g g a t g c t c c a a t g a c a c c a a a a	Ala Arg Leu Val Leu Glu Asn Tyr Ser Asp Ala Pro Met Thr Pro Lys	202530	515			
c a g a t t c t g c a g g t c a t a g a g g c a g a a g g a c t a a a g g a a a t g a g a a g t	Gln Ile Leu Gln Val Ile Glu Ala Glu Gly Leu Lys Glu Met Arg Ser	354045	563			
g g g a c t t c c c c t c t c g c a t g c c t c a a t g c t a t g c t a c a t t c c a a t t c a	Gly Thr Ser Pro Leu Ala Cys Leu Asn Ala Met Leu His Ser Asn Ser	505560	611			
a g a g g a g g a g a g g g t t g t t t t a t a a a c t g c c t g g c c g a a t c a g c c t t	Arg Gly Gly Glu Gly Leu Phe Tyr Lys Leu Pro Gly Arg Ile Ser Leu	65707580	659			
t t c a c g c t c a a g a a g g a t g c c c t g c a g t g g t c t t c g c c a t c c a g c t a c a	Phe Thr Leu Lys Lys Asp Ala Leu Gln Trp Ser Arg His Pro Ala Thr	859095	707			
g t g g a g g g a g a g g a c c a g a g g a c a c g g c t g a t g t g g a g a g c t g t g g g	Val Glu Gly Glu Glu Pro Glu Asp Thr Ala Asp Val Glu Ser Cys Gly	100105110	755			
t c t a a t g a a g c c a g c a c t g t g a g t g g t g a a a a c g a t g t a t c t c t t g a t	Ser Asn Glu Ala Ser Thr Val Ser Gly Glu Asn Asp Val Ser Leu Asp	115120125	803			
g a a a c a t c t t t c g a a c g c a t c c t g t t c t t a c a g a a t c t c a g a g t c g a c c t	Glu Thr Ser Ser Asn Ala Ser Cys Ser Thr Glu Ser Gln Ser Arg Pro	130135140	851			
c t t t c c a a t c c c a g g g a c a g c t a c a g a g c t t c c t c a c a g g c g a a c a a a	Leu Ser Asn Pro Arg Asp Ser Tyr Arg Ala Ser Ser Gln Ala Asn Lys	145150155160	899			
c a a a a g a a a a a g a c t g g g g t g a t g c t g c c t c g a g t t g t c c t g a c t c c t	Gln Lys Lys Lys Thr Gly Val Met Leu Pro Arg Val Val Leu Thr Pro	165170175	947			
c t g a a g g t a a a c g g g g c c c a c g t g g a a t c t g c a t c a g g g t t c t c g g g c	Leu Lys Val Asn Gly Ala His Val Glu Ser Ala Ser Gly Phe Ser Gly		995			

180				185				190									
tgc	cac	gcc	gat	ggc	gag	agc	ggc	agc	ccg	tcc	agc	agc	agc	agc	ggc	1043	
Cys	His	Ala	Asp	Gly	Glu	Ser	Gly	Ser	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly		
195				200				205									
tct	ctg	gcc	ctg	ggc	agc	gct	gct	att	cgt	ggc	cag	gcc	gag	gtc	acc	1091	
Ser	Leu	Ala	Leu	Gly	Ser	Ala	Ala	Ile	Arg	Gly	Gln	Ala	Glu	Val	Thr		
210				215				220									
cag	gac	cct	gcc	ccg	ctc	ctg	aga	ggc	ttc	cgg	aag	cca	gcc	aca	ggt	1139	
Gln	Asp	Pro	Ala	Pro	Leu	Leu	Arg	Gly	Phe	Arg	Lys	Pro	Ala	Thr	Gly		
225				230				235				240					
caa	atg	aag	cgc	aac	aga	ggg	gaa	gaa	ata	gat	ttt	gag	aca	cct	ggg	1187	
Gln	Met	Lys	Arg	Asn	Arg	Gly	Glu	Glu	Ile	Asp	Phe	Glu	Thr	Pro	Gly		
245				250				255									
tcc	att	ctt	gtc	aac	acc	aac	ctc	cgt	gcc	ctg	atc	aac	tct	cgg	acc	1235	
Ser	Ile	Leu	Val	Asn	Thr	Asn	Leu	Arg	Ala	Leu	Ile	Asn	Ser	Arg	Thr		
260				265				270									
ttc	cat	gcc	tta	cca	tca	cac	ttc	cag	cag	cag	ctc	ctc	ttc	ctc	ctg	1283	
Phe	His	Ala	Leu	Pro	Ser	His	Phe	Gln	Gln	Gln	Leu	Leu	Phe	Leu	Leu		
275				280				285									
cct	gaa	gta	gac	aga	cag	gtg	ggg	acg	gat	ggc	ctg	ttg	cgt	ctc	agc	1331	
Pro	Glu	Val	Asp	Arg	Gln	Val	Gly	Thr	Asp	Gly	Leu	Leu	Arg	Leu	Ser		
290				295				300									
agc	agt	gca	cta	aat	aac	gag	ttt	ttt	acc	cat	gcg	gct	cag	agc	tgg	1379	
Ser	Ser	Ala	Leu	Asn	Asn	Glu	Phe	Phe	Thr	His	Ala	Ala	Gln	Ser	Trp		
305				310				315				320					
cgg	gag	cgc	ctg	gct	gat	ggt	gaa	ttt	act	cat	gag	atg	caa	gtc	agg	1427	
Arg	Glu	Arg	Leu	Ala	Asp	Gly	Glu	Phe	Thr	His	Glu	Met	Gln	Val	Arg		
325				330				335									
ata	cga	cag	gaa	atg	gag	aag	gaa	aag	aag	gtg	gaa	caa	tgg	aaa	gaa	1475	
Ile	Arg	Gln	Glu	Met	Glu	Lys	Glu	Lys	Lys	Val	Glu	Gln	Trp	Lys	Glu		
340				345				350									
aag	ttc	ttt	gaa	gac	tac	tat	gga	cag	aag	ctg	ggt	ttg	acc	aaa	gaa	1523	
Lys	Phe	Phe	Glu	Asp	Tyr	Tyr	Gly	Gln	Lys	Leu	Gly	Leu	Thr	Lys	Glu		
355				360				365									
gag	tca	ttg	cag	cag	aac	gtg	ggc	cag	gag	gag	gct	gaa	atc	aaa	agt	1571	
Glu	Ser	Leu	Gln	Gln	Asn	Val	Gly	Gln	Glu	Glu	Ala	Glu	Ile	Lys	Ser		
370				375				380									

ggc	ttg	tgt	gtc	cca	gga	gaa	tca	gtg	cgt	ata	cag	cgt	ggt	cca	gcc	1619
Gly	Leu	Cys	Val	Pro	Gly	Glu	Ser	Val	Arg	Ile	Gln	Arg	Gly	Pro	Ala	
385					390					395					400	
acc	cga	cag	cga	gat	ggg	cat	ttt	aag	aaa	cgc	tct	cgg	cca	gat	ctc	1667
Thr	Arg	Gln	Arg	Asp	Gly	His	Phe	Lys	Lys	Arg	Ser	Arg	Pro	Asp	Leu	
				405					410					415		
cga	acc	aga	gcc	aga	agg	aat	ctg	tac	aaa	aaa	cag	gag	tca	gaa	caa	1715
Arg	Thr	Arg	Ala	Arg	Arg	Asn	Leu	Tyr	Lys	Lys	Gln	Glu	Ser	Glu	Gln	
			420					425					430			
gca	ggg	gtt	gct	aag	gat	gca	aaa	tct	gtg	gcc	tca	gat	gtt	ccc	ctc	1763
Ala	Gly	Val	Ala	Lys	Asp	Ala	Lys	Ser	Val	Ala	Ser	Asp	Val	Pro	Leu	
		435					440					445				
tac	aag	gat	ggg	gag	gct	aag	act	gac	cca	gca	ggg	ctg	agc	agt	ccc	1811
Tyr	Lys	Asp	Gly	Glu	Ala	Lys	Thr	Asp	Pro	Ala	Gly	Leu	Ser	Ser	Pro	
	450					455					460					
cat	ctg	cca	ggc	aca	tcc	tct	gca	gca	ccc	gac	ctg	gag	ggt	ccc	gaa	1859
His	Leu	Pro	Gly	Thr	Ser	Ser	Ala	Ala	Pro	Asp	Leu	Glu	Gly	Pro	Glu	
465					470					475					480	
ttc	cca	gtt	gag	tct	gtg	gct	tct	cgg	atc	cag	gct	gag	cca	gac	aac	1907
Phe	Pro	Val	Glu	Ser	Val	Ala	Ser	Arg	Ile	Gln	Ala	Glu	Pro	Asp	Asn	
				485					490					495		
ttg	gca	cgt	gcc	tct	gca	tct	cca	gac	aga	att	cct	agc	ctg	cct	cag	1955
Leu	Ala	Arg	Ala	Ser	Ala	Ser	Pro	Asp	Arg	Ile	Pro	Ser	Leu	Pro	Gln	
			500					505					510			
gaa	act	gtg	gat	cag	gaa	ccc	aag	gat	cag	aag	agg	aaa	tcc	ttt	gag	2003
Glu	Thr	Val	Asp	Gln	Glu	Pro	Lys	Asp	Gln	Lys	Arg	Lys	Ser	Phe	Glu	
		515					520				525					
cag	gcg	gcc	tct	gca	tcc	ttt	ccc	gaa	aag	aag	ccc	cgg	ctt	gaa	gat	2051
Gln	Ala	Ala	Ser	Ala	Ser	Phe	Pro	Glu	Lys	Lys	Pro	Arg	Leu	Glu	Asp	
	530					535					540					
cgt	cag	tcc	ttt	cgt	aac	aca	att	gaa	agt	gtt	cac	acc	gaa	aag	cca	2099
Arg	Gln	Ser	Phe	Arg	Asn	Thr	Ile	Glu	Ser	Val	His	Thr	Glu	Lys	Pro	
545					550					555					560	
cag	ccc	act	aaa	gag	gag	ccc	aaa	gtc	ccg	ccc	atc	cgg	att	caa	ctt	2147
Gln	Pro	Thr	Lys	Glu	Glu	Pro	Lys	Val	Pro	Pro	Ile	Arg	Ile	Gln	Leu	
				565					570					575		
tca	cgt	atc	aaa	cca	ccc	tgg	gtg	gtt	aaa	ggt	cag	ccc	act	tac	cag	2195
Ser	Arg	Ile	Lys	Pro	Pro	Trp	Val	Val	Lys	Gly	Gln	Pro	Thr	Tyr	Gln	

580								585								590							
ata	tgc	ccc	cgg	atc	atc	ccc	acc	acg	gag	tcc	tcc	tgc	cgg	ggt	tgg		2243						
Ile	Cys	Pro	Arg	Ile	Ile	Pro	Thr	Thr	Glu	Ser	Ser	Cys	Arg	Gly	Trp								
595								600								605							
act	ggc	gcc	agg	acc	ctc	gca	gac	att	aaa	gcc	cgt	gct	ctg	cag	gtc		2291						
Thr	Gly	Ala	Arg	Thr	Leu	Ala	Asp	Ile	Lys	Ala	Arg	Ala	Leu	Gln	Val								
610								615								620							
cga	ggg	gcg	aga	ggt	cac	cac	tgc	cat	aga	gag	gcg	gcc	acc	act	gcc		2339						
Arg	Gly	Ala	Arg	Gly	His	His	Cys	His	Arg	Glu	Ala	Ala	Thr	Thr	Ala								
625				630								635				640							
atc	gga	ggg	ggg	ggt	ggc	ccg	ggt	gga	ggt	ggc	ggc	ggg	gcc	acc	gat		2387						
Ile	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Pro	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Thr	Asp								
				645								650				655							
gag	gga	ggt	ggc	aga	ggc	agc	agc	agt	ggt	gat	ggt	ggt	gag	gcc	tgt		2435						
Glu	Gly	Gly	Gly	Arg	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Asp	Gly	Gly	Gly	Ala	Cys								
				660				665								670							
ggc	cac	cct	gag	ccc	agg	gga	ggc	ccg	agc	acc	cct	gga	aag	tgt	acg		2483						
Gly	His	Pro	Glu	Pro	Arg	Gly	Gly	Pro	Ser	Thr	Pro	Gly	Lys	Cys	Thr								
				675				680								685							
tca	gat	cta	cag	cga	aca	caa	cta	ctg	ccg	cct	tat	cct	cta	aat	ggg		2531						
Ser	Asp	Leu	Gln	Arg	Thr	Gln	Leu	Leu	Pro	Pro	Tyr	Pro	Leu	Asn	Gly								
				690				695				700											
gag	cat	acc	cag	gcc	gga	act	gcc	atg	tcc	aga	gct	agg	aga	gag	gac		2579						
Glu	His	Thr	Gln	Ala	Gly	Thr	Ala	Met	Ser	Arg	Ala	Arg	Arg	Glu	Asp								
705				710								715				720							
ctg	cct	tct	ctg	aga	aag	gag	gaa	agc	tgc	cta	cta	cag	agg	gct	aca		2627						
Leu	Pro	Ser	Leu	Arg	Lys	Glu	Glu	Ser	Cys	Leu	Leu	Gln	Arg	Ala	Thr								
				725								730				735							
gtt	gga	ctc	aca	gat	ggg	cta	gga	gat	gcc	tcc	caa	ctc	ccc	gtt	gct		2675						
Val	Gly	Leu	Thr	Asp	Gly	Leu	Gly	Asp	Ala	Ser	Gln	Leu	Pro	Val	Ala								
				740				745								750							
ccc	act	ggg	gac	cag	cca	tgc	cag	gcc	ttg	ccc	cta	ctg	tcc	tcc	caa		2723						
Pro	Thr	Gly	Asp	Gln	Pro	Cys	Gln	Ala	Leu	Pro	Leu	Leu	Ser	Ser	Gln								
				755				760								765							
acc	tca	gta	gct	gag	aga	tta	gtg	gag	cag	cct	cag	ttg	cat	ccg	gat		2771						
Thr	Ser	Val	Ala	Glu	Arg	Leu	Val	Glu	Gln	Pro	Gln	Leu	His	Pro	Asp								
				770				775				780											

gtt	aga	act	gaa	tgt	gag	tct	ggc	acc	act	tcc	tgg	gaa	agt	gat	gat	2819
Val	Arg	Thr	Glu	Cys	Glu	Ser	Gly	Thr	Thr	Ser	Trp	Glu	Ser	Asp	Asp	
785					790					795					800	
gag	gag	caa	gga	ccc	acc	gtt	cct	gca	gac	aat	ggg	ccc	att	ccg	tct	2867
Glu	Glu	Gln	Gly	Pro	Thr	Val	Pro	Ala	Asp	Asn	Gly	Pro	Ile	Pro	Ser	
				805					810					815		
cta	gtg	gga	gat	gat	aca	tta	gag	aaa	gga	act	ggc	caa	gct	ctt	gac	2915
Leu	Val	Gly	Asp	Asp	Thr	Leu	Glu	Lys	Gly	Thr	Gly	Gln	Ala	Leu	Asp	
			820					825					830			
agt	cat	ccc	act	atg	aag	gat	cct	gta	aat	gtg	acc	ccc	agt	tcc	aca	2963
Ser	His	Pro	Thr	Met	Lys	Asp	Pro	Val	Asn	Val	Thr	Pro	Ser	Ser	Thr	
		835					840					845				
cct	gaa	tcc	tca	ccg	act	gat	tgc	ctg	cag	aac	aga	gca	ttt	gat	gac	3011
Pro	Glu	Ser	Ser	Pro	Thr	Asp	Cys	Leu	Gln	Asn	Arg	Ala	Phe	Asp	Asp	
	850					855				860						
gaa	tta	ggg	ctt	ggg	ggc	tca	tgc	cct	cct	atg	agg	gaa	agt	gat	act	3059
Glu	Leu	Gly	Leu	Gly	Gly	Ser	Cys	Pro	Pro	Met	Arg	Glu	Ser	Asp	Thr	
865					870					875					880	
aga	caa	gaa	aac	ttg	aaa	acc	aag	gct	ctc	gtt	tct	aac	agt	tct	ttg	3107
Arg	Gln	Glu	Asn	Leu	Lys	Thr	Lys	Ala	Leu	Val	Ser	Asn	Ser	Ser	Leu	
			885						890					895		
cat	tgg	ata	ccc	atc	cca	tcg	aat	gat	gag	gta	gtg	aaa	cag	ccc	aaa	3155
His	Trp	Ile	Pro	Ile	Pro	Ser	Asn	Asp	Glu	Val	Val	Lys	Gln	Pro	Lys	
			900					905					910			
cca	gaa	tcc	aga	gaa	cac	ata	cca	tct	gtt	gag	ccc	cag	gtt	gga	gag	3203
Pro	Glu	Ser	Arg	Glu	His	Ile	Pro	Ser	Val	Glu	Pro	Gln	Val	Gly	Glu	
		915					920				925					
gag	tgg	gag	aaa	gct	gct	ccc	acc	cct	cct	gca	ttg	cct	ggg	gat	ttg	3251
Glu	Trp	Glu	Lys	Ala	Ala	Pro	Thr	Pro	Pro	Ala	Leu	Pro	Gly	Asp	Leu	
	930					935					940					
aca	gct	gag	gag	ggg	cta	gat	cct	ctt	gac	agc	ctt	act	tca	ctc	tgg	3299
Thr	Ala	Glu	Glu	Gly	Leu	Asp	Pro	Leu	Asp	Ser	Leu	Thr	Ser	Leu	Trp	
945					950					955					960	
act	gtg	cca	tct	cga	gga	ggc	agt	gac	agc	aat	ggc	agt	tac	tgt	caa	3347
Thr	Val	Pro	Ser	Arg	Gly	Gly	Ser	Asp	Ser	Asn	Gly	Ser	Tyr	Cys	Gln	
				965				970						975		
cag	gtg	gac	att	gaa	aag	ctg	aaa	atc	aac	gga	gac	tct	gaa	gca	ctg	3395
Gln	Val	Asp	Ile	Glu	Lys	Leu	Lys	Ile	Asn	Gly	Asp	Ser	Glu	Ala	Leu	

agt	cct	cac	ggt	gag	tcc	acg	gat	aca	gcc	tct	gac	ttt	gaa	ggt	cac	3443
Ser	Pro	His	Gly	Glu	Ser	Thr	Asp	Thr	Ala	Ser	Asp	Phe	Glu	Gly	His	
		995					1000					1005				
ctc	acg	gag	gac	agc	agt	gag	gct	gac	act	aga	gaa	gct	gca	gtg		3488
Leu	Thr	Glu	Asp	Ser	Ser	Glu	Ala	Asp	Thr	Arg	Glu	Ala	Ala	Val		
	1010					1015					1020					
aca	aag	gga	tct	tcg	gtg	gac	aag	gat	gag	aaa	ccc	aat	tgg	aac		3533
Thr	Lys	Gly	Ser	Ser	Val	Asp	Lys	Asp	Glu	Lys	Pro	Asn	Trp	Asn		
	1025					1030					1035					
caa	tct	gcc	cca	ctg	tcc	aag	gtg	aat	ggt	gac	atg	cgt	ctg	gtt		3578
Gln	Ser	Ala	Pro	Leu	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Asp	Met	Arg	Leu	Val		
	1040					1045					1050					
aca	agg	aca	gat	ggg	atg	gtt	gct	cct	cag	agc	tgg	gtg	tct	cga		3623
Thr	Arg	Thr	Asp	Gly	Met	Val	Ala	Pro	Gln	Ser	Trp	Val	Ser	Arg		
	1055					1060					1065					
gta	tgt	gcg	gtc	cgc	caa	aag	atc	cca	gat	tcc	cta	ctg	ctg	gcc		3668
Val	Cys	Ala	Val	Arg	Gln	Lys	Ile	Pro	Asp	Ser	Leu	Leu	Leu	Ala		
	1070					1075					1080					
agt	act	gag	tac	cag	cca	aga	gcc	gtg	tgc	ctg	tcc	atg	cct	ggg		3713
Ser	Thr	Glu	Tyr	Gln	Pro	Arg	Ala	Val	Cys	Leu	Ser	Met	Pro	Gly		
	1085					1090					1095					
tcc	tca	gtg	gag	gcc	act	aac	cca	ctt	gtg	atg	cag	ttg	ctg	cag		3758
Ser	Ser	Val	Glu	Ala	Thr	Asn	Pro	Leu	Val	Met	Gln	Leu	Leu	Gln		
	1100					1105					1110					
ggt	agc	ttg	ccc	cta	gag	aag	gtt	ctt	cca	cca	gcc	cac	gat	gac		3803
Gly	Ser	Leu	Pro	Leu	Glu	Lys	Val	Leu	Pro	Pro	Ala	His	Asp	Asp		
	1115					1120					1125					
agc	atg	tca	gaa	tcc	cca	caa	gta	cca	ctt	aca	aaa	gac	cag	agc		3848
Ser	Met	Ser	Glu	Ser	Pro	Gln	Val	Pro	Leu	Thr	Lys	Asp	Gln	Ser		
	1130					1135					1140					
cat	ggc	tcg	cta	cgc	atg	gga	tct	tta	cat	ggt	ctt	gga	aaa	aac		3893
His	Gly	Ser	Leu	Arg	Met	Gly	Ser	Leu	His	Gly	Leu	Gly	Lys	Asn		
	1145					1150					1155					
agt	ggc	atg	gtt	gat	gga	agc	agc	ccc	agt	tct	tta	agg	gct	ttg		3938
Ser	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Ser	Ser	Pro	Ser	Ser	Leu	Arg	Ala	Leu		
	1160					1165					1170					

aag	gag	cct	ctt	ctg	cca	gat	agc	tgt	gaa	aca	ggc	act	ggt	ctt	3983
Lys	Glu	Pro	Leu	Leu	Pro	Asp	Ser	Cys	Glu	Thr	Gly	Thr	Gly	Leu	
	1175					1180					1185				
gcc	agg	att	gag	gcc	acc	cag	gct	cct	gga	gca	ccc	caa	aag	aat	4028
Ala	Arg	Ile	Glu	Ala	Thr	Gln	Ala	Pro	Gly	Ala	Pro	Gln	Lys	Asn	
	1190					1195					1200				
tgc	aag	gca	gtc	cca	agt	ttt	gac	tcc	ctc	cat	cca	gtg	aca	aat	4073
Cys	Lys	Ala	Val	Pro	Ser	Phe	Asp	Ser	Leu	His	Pro	Val	Thr	Asn	
	1205					1210					1215				
ccc	att	aca	tcc	tct	agg	aaa	ctg	gaa	gaa	atg	gat	tcc	aaa	gag	4118
Pro	Ile	Thr	Ser	Ser	Arg	Lys	Leu	Glu	Glu	Met	Asp	Ser	Lys	Glu	
	1220					1225					1230				
cag	ttc	tct	tcc	ttt	agt	tgt	gaa	gat	cag	aag	gaa	gtc	cgt	gct	4163
Gln	Phe	Ser	Ser	Phe	Ser	Cys	Glu	Asp	Gln	Lys	Glu	Val	Arg	Ala	
	1235					1240					1245				
atg	tca	cag	gac	agt	aat	tca	aat	gct	gct	cca	gga	aag	agc	cca	4208
Met	Ser	Gln	Asp	Ser	Asn	Ser	Asn	Ala	Ala	Pro	Gly	Lys	Ser	Pro	
	1250					1255					1260				
gga	gat	ctt	act	acc	tcg	aga	aca	cct	cgt	ttc	tca	tct	cca	aat	4253
Gly	Asp	Leu	Thr	Thr	Ser	Arg	Thr	Pro	Arg	Phe	Ser	Ser	Pro	Asn	
	1265					1270					1275				
gtg	atc	tcc	ttt	ggt	cca	gag	cag	aca	ggt	cgg	gcc	ctg	ggt	gat	4298
Val	Ile	Ser	Phe	Gly	Pro	Glu	Gln	Thr	Gly	Arg	Ala	Leu	Gly	Asp	
	1280					1285					1290				
cag	agc	aat	gtt	aca	ggc	caa	ggg	aag	aag	ctt	ttt	ggc	tct	ggg	4343
Gln	Ser	Asn	Val	Thr	Gly	Gln	Gly	Lys	Lys	Leu	Phe	Gly	Ser	Gly	
	1295					1300					1305				
aat	gtg	gct	gca	acc	ctt	cag	cgc	ccc	agg	cct	gcg	gac	ccg	atg	4388
Asn	Val	Ala	Ala	Thr	Leu	Gln	Arg	Pro	Arg	Pro	Ala	Asp	Pro	Met	
	1310					1315					1320				
cct	ctt	cct	gct	gag	atc	cct	cca	gtt	ttt	ccc	agt	ggg	aag	ttg	4433
Pro	Leu	Pro	Ala	Glu	Ile	Pro	Pro	Val	Phe	Pro	Ser	Gly	Lys	Leu	
	1325					1330					1335				
gga	cca	agc	aca	aac	tcc	atg	tct	ggt	ggg	gta	cag	act	cca	agg	4478
Gly	Pro	Ser	Thr	Asn	Ser	Met	Ser	Gly	Gly	Val	Gln	Thr	Pro	Arg	
	1340					1345					1350				
gaa	gac	tgg	gct	cca	aag	cca	cat	gcc	ttt	gtt	ggc	agc	gtc	aag	4523
Glu	Asp	Trp	Ala	Pro	Lys	Pro	His	Ala	Phe	Val	Gly	Ser	Val	Lys	

1355		1360		1365	
a a t g a g a a g a c t t t t g t g g g g g g t c c t c t t a a g g c a a a t g c c g a g					4568
Asn Glu Lys Thr Phe Val Gly Gly Pro Leu Lys Ala Asn Ala Glu					
1370		1375		1380	
a a c a g g a a a g c t a c t g g g c a t a g t c c c c t g g a a c t g g t g g t c a c					4613
Asn Arg Lys Ala Thr Gly His Ser Pro Leu Glu Leu Val Gly His					
1385		1390		1395	
t t g g a a g g g a t g c c c t t t g t c a t g g a c t t g c c c t t c t g g a a a t t a					4658
Leu Glu Gly Met Pro Phe Val Met Asp Leu Pro Phe Trp Lys Leu					
1400		1405		1410	
c c c c g a g a g c c a g g g a a g g g g c t c a g t g a g c c t c t g g a g c c t t c t					4703
Pro Arg Glu Pro Gly Lys Gly Leu Ser Glu Pro Leu Glu Pro Ser					
1415		1420		1425	
t c t c t c c c c t c c a a c t c a g c a t c a a g c a g g c a t t t t a t g g g a a g					4748
Ser Leu Pro Ser Gln Leu Ser Ile Lys Gln Ala Phe Tyr Gly Lys					
1430		1435		1440	
c t t t c t a a a c t c c a a c t g a g t t c c a c c a g c t t t a a t t a t t c c t c t					4793
Leu Ser Lys Leu Gln Leu Ser Ser Thr Ser Phe Asn Tyr Ser Ser					
1445		1450		1455	
a g c t c t c c c a c c t t t c c c a a a g g c c t t g c t g g a a g t g t g g t g c a g					4838
Ser Ser Pro Thr Phe Pro Lys Gly Leu Ala Gly Ser Val Val Gln					
1460		1465		1470	
c t g a g c c a c a a a g c a a a c t t t g g t g c g a g c c a c a g t g c a t c a c t t					4883
Leu Ser His Lys Ala Asn Phe Gly Ala Ser His Ser Ala Ser Leu					
1475		1480		1485	
t c c t t g c a a a t g t t c a c t g a c a g c a g c a c g g t g g a a g c a t c t c g					4928
Ser Leu Gln Met Phe Thr Asp Ser Ser Thr Val Glu Ser Ile Ser					
1490		1495		1500	
c t c c a g t g t g c g t g c a g c c t g a a a g c c a t g a t c a t g t g c c a a g g c					4973
Leu Gln Cys Ala Cys Ser Leu Lys Ala Met Ile Met Cys Gln Gly					
1505		1510		1515	
t g c g g t g c g t t c t g t c a c g a t g a c t g t a t t g g a c c c t c a a a g c t c					5018
Cys Gly Ala Phe Cys His Asp Asp Cys Ile Gly Pro Ser Lys Leu					
1520		1525		1530	
t g t g t a t t g t g c c t t g t g g t g a g a t a a t a a t t a t g g c c a t g g g a a a					5065
Cys Val Leu Cys Leu Val Val Arg					
1535		1540			

cattgtatat	ttagtgtgtg	tatttttgata	atgattgattc	ttaaatactgt	atacagaata	5125
tcaattgatat	aatactcttt	aggcaggagc	actcttgccct	tcccccaaaa	tttacactgc	5185
taaagccctc	tgtcacttgg	cgaccccttct	ggctcttgctg	gaggggtttc	ctgggtataa	5245
cccaattgggc	tgcccaaggc	cagccagccct	gagctctcct	gcaagacaga	gccatgatgtg	5305
gcacggagtg	gggttgcggg	gggtggggggg	actgccctgac	tcccagaggg	acttgaaact	5365
gaagcaagaa	ggttgcattc	tccaccaagg	gagttaacct	acctgaacta	agtagaaatg	5425
ccagtcttcc	actacccccc	ccctgccatc	ttttcttctg	ctacttttggg	gagttgatgg	5485
ccaggaaaga	agccagcaca	gggttaaagt	aactcctggc	attgcccaccc	agggggcctgg	5545
tgcacctgct	gaacctcaggg	tcacagttaga	gtcattttgcc	agttgacgga	gcaagtttga	5605
ccttgggttct	gttgctgaag	caaattttgga	acttttctgt	ctcagtggtga	tccactaacc	5665
cacaggatca	tttggaacct	tgaatagctc	tgccttggaca	atgggggttgg	ggaatagggt	5725
tgtcttttcc	atgaaaatgc	catctgtaga	ccttggtgagt	cagccgtcca	gatgttttgc	5785
ggtgaattcc	tctgcttgac	atcctccctg	tcacttttgg	ccctatggga	gtgggcatct	5845
ccacgcacct	gtgtatgtga	aagtcatttt	acattttcaaa	gcagtggtgtg	tttcttatatt	5905
ttatatatttt	aactcttttat	tcttggatgt	ataaagtga	cttttttggct	tctgtaagta	5965
tgcctctatgc	acctctaatg	ttttatcatg	tattttatatg	ttgtacacag	tactggctga	6025
ttctgtaaat	ggatgtattg	tacagagAAC	atgaacgtct	cttcctaatt	ttacatcttc	6085
agcatcattg	cattaaagtg	gtgtaatctc	cttctctaca	tctgttgtca	gagccactga	6145
gtgctgtgct	gctcgacgtg	agggtgaaat	gattgacttg	tgacctgcca	ggttgcccga	6205
tgccttggtg	ggtcaccggc	tggacctgct	gcagccctgca	gagccacagt	cagccctgccc	6265
acatgccacc	gagcaaacgc	atctttgcttt	tcacatctct	cctcctacag	ccttaatggc	6325
tgccttgctgc	catatgtgac	aaatcaccac	caccagtgtt	aagtgccttct	ggattcatgg	6385
gtgagttccc	tgggcagccc	ccaggaaaggc	cttccagatc	tggctccagg	gtcaccacct	6445
gtcacagcaa	tacctgggac	catgctctcc	tgggactgtg	aggctccttt	tgacgtactt	6505
ttgacatcag	gcaggtttgg	gaagaaacaa	agccatgcct	gctcctgcct	ctctcccaac	6565

atgtttccag caagtagatg cccctgtgtg tgttttccct tgccttgttt cctgcccttat 6625
atcttgtaatt tcgacttatt acagagttga gggttcttgc ttaatttaga tcaagtataa 6685
aat ttgtatg acttcaagtc tcat tttatc tgaaagggtt ttttctcatt taatctgatg 6745
tggcattttc gtcattctgaa gcatgagtga caagt tggga atgatgtggt gatttagaat 6805
gcagtattgg ccaagtccaa gttgtcaact taagcgtctg ttta ccaag accgggaaca 6865
ggggcccaaa catgtccagt cctcttcttc cctctgctgg aacctttggg gacactcaag 6925
ggtacagttt gacactgatt tgggtccatga ggctgcccag agaaagcact gcttctgtat 6985
gtctcttgtg gtattggaac aataaacccg tacaacctgc a 7026

<210> 48
<211> 1541
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 48

Met Lys Asp Lys Gln Lys Lys Lys Lys Glu Arg Thr Trp Ala Glu Ala
1 5 10 15

Ala Arg Leu Val Leu Glu Asn Tyr Ser Asp Ala Pro Met Thr Pro Lys
20 25 30

Gln Ile Leu Gln Val Ile Glu Ala Glu Gly Leu Lys Glu Met Arg Ser
35 40 45

Gly Thr Ser Pro Leu Ala Cys Leu Asn Ala Met Leu His Ser Asn Ser
50 55 60

Arg Gly Gly Glu Gly Leu Phe Tyr Lys Leu Pro Gly Arg Ile Ser Leu
65 70 75 80

Phe Thr Leu Lys Lys Asp Ala Leu Gln Trp Ser Arg His Pro Ala Thr
85 90 95

Val Glu Gly Glu Glu Pro Glu Asp Thr Ala Asp Val Glu Ser Cys Gly
100 105 110

Ser	Asn	Glu	Ala	Ser	Thr	Val	Ser	Gly	Glu	Asn	Asp	Val	Ser	Leu	Asp
		115					120					125			
Glu	Thr	Ser	Ser	Asn	Ala	Ser	Cys	Ser	Thr	Glu	Ser	Gln	Ser	Arg	Pro
	130					135					140				
Leu	Ser	Asn	Pro	Arg	Asp	Ser	Tyr	Arg	Ala	Ser	Ser	Gln	Ala	Asn	Lys
145					150					155					160
Gln	Lys	Lys	Lys	Thr	Gly	Val	Met	Leu	Pro	Arg	Val	Val	Leu	Thr	Pro
				165					170					175	
Leu	Lys	Val	Asn	Gly	Ala	His	Val	Glu	Ser	Ala	Ser	Gly	Phe	Ser	Gly
			180					185					190		
Cys	His	Ala	Asp	Gly	Glu	Ser	Gly	Ser	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly
		195					200					205			
Ser	Leu	Ala	Leu	Gly	Ser	Ala	Ala	Ile	Arg	Gly	Gln	Ala	Glu	Val	Thr
	210					215					220				
Gln	Asp	Pro	Ala	Pro	Leu	Leu	Arg	Gly	Phe	Arg	Lys	Pro	Ala	Thr	Gly
225					230					235					240
Gln	Met	Lys	Arg	Asn	Arg	Gly	Glu	Glu	Ile	Asp	Phe	Glu	Thr	Pro	Gly
				245					250					255	
Ser	Ile	Leu	Val	Asn	Thr	Asn	Leu	Arg	Ala	Leu	Ile	Asn	Ser	Arg	Thr
			260					265					270		
Phe	His	Ala	Leu	Pro	Ser	His	Phe	Gln	Gln	Gln	Leu	Leu	Phe	Leu	Leu
		275					280					285			
Pro	Glu	Val	Asp	Arg	Gln	Val	Gly	Thr	Asp	Gly	Leu	Leu	Arg	Leu	Ser
	290					295						300			

Ser	Ser	Ala	Leu	Asn	Asn	Glu	Phe	Phe	Thr	His	Ala	Ala	Gln	Ser	Trp
305					310					315					320
Arg	Glu	Arg	Leu	Ala	Asp	Gly	Glu	Phe	Thr	His	Glu	Met	Gln	Val	Arg
				325					330					335	
Ile	Arg	Gln	Glu	Met	Glu	Lys	Glu	Lys	Lys	Val	Glu	Gln	Trp	Lys	Glu
			340					345					350		
Lys	Phe	Phe	Glu	Asp	Tyr	Tyr	Gly	Gln	Lys	Leu	Gly	Leu	Thr	Lys	Glu
		355					360					365			
Glu	Ser	Leu	Gln	Gln	Asn	Val	Gly	Gln	Glu	Glu	Ala	Glu	Ile	Lys	Ser
	370					375					380				
Gly	Leu	Cys	Val	Pro	Gly	Glu	Ser	Val	Arg	Ile	Gln	Arg	Gly	Pro	Ala
385					390					395					400
Thr	Arg	Gln	Arg	Asp	Gly	His	Phe	Lys	Lys	Arg	Ser	Arg	Pro	Asp	Leu
				405					410					415	
Arg	Thr	Arg	Ala	Arg	Arg	Asn	Leu	Tyr	Lys	Lys	Gln	Glu	Ser	Glu	Gln
			420					425					430		
Ala	Gly	Val	Ala	Lys	Asp	Ala	Lys	Ser	Val	Ala	Ser	Asp	Val	Pro	Leu
		435					440					445			
Tyr	Lys	Asp	Gly	Glu	Ala	Lys	Thr	Asp	Pro	Ala	Gly	Leu	Ser	Ser	Pro
	450					455					460				
His	Leu	Pro	Gly	Thr	Ser	Ser	Ala	Ala	Pro	Asp	Leu	Glu	Gly	Pro	Glu
465					470					475					480
Phe	Pro	Val	Glu	Ser	Val	Ala	Ser	Arg	Ile	Gln	Ala	Glu	Pro	Asp	Asn
				485					490					495	
Leu	Ala	Arg	Ala	Ser	Ala	Ser	Pro	Asp	Arg	Ile	Pro	Ser	Leu	Pro	Gln
			500					505					510		

Glu	Thr	Val	Asp	Gln	Glu	Pro	Lys	Asp	Gln	Lys	Arg	Lys	Ser	Phe	Glu
		515					520					525			
Gln	Ala	Ala	Ser	Ala	Ser	Phe	Pro	Glu	Lys	Lys	Pro	Arg	Leu	Glu	Asp
	530					535					540				
Arg	Gln	Ser	Phe	Arg	Asn	Thr	Ile	Glu	Ser	Val	His	Thr	Glu	Lys	Pro
545					550					555					560
Gln	Pro	Thr	Lys	Glu	Glu	Pro	Lys	Val	Pro	Pro	Ile	Arg	Ile	Gln	Leu
				565					570					575	
Ser	Arg	Ile	Lys	Pro	Pro	Trp	Val	Val	Lys	Gly	Gln	Pro	Thr	Tyr	Gln
			580					585					590		
Ile	Cys	Pro	Arg	Ile	Ile	Pro	Thr	Thr	Glu	Ser	Ser	Cys	Arg	Gly	Trp
		595					600					605			
Thr	Gly	Ala	Arg	Thr	Leu	Ala	Asp	Ile	Lys	Ala	Arg	Ala	Leu	Gln	Val
	610					615					620				
Arg	Gly	Ala	Arg	Gly	His	His	Cys	His	Arg	Glu	Ala	Ala	Thr	Thr	Ala
625					630					635					640
Ile	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Pro	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Thr	Asp
				645					650					655	
Glu	Gly	Gly	Gly	Arg	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Asp	Gly	Gly	Glu	Ala	Cys
			660					665					670		
Gly	His	Pro	Glu	Pro	Arg	Gly	Gly	Pro	Ser	Thr	Pro	Gly	Lys	Cys	Thr
		675					680					685			
Ser	Asp	Leu	Gln	Arg	Thr	Gln	Leu	Leu	Pro	Pro	Tyr	Pro	Leu	Asn	Gly
	690					695					700				

Glu	His	Thr	Gln	Ala	Gly	Thr	Ala	Met	Ser	Arg	Ala	Arg	Arg	Glu	Asp
705					710					715					720

Leu	Pro	Ser	Leu	Arg	Lys	Glu	Glu	Ser	Cys	Leu	Leu	Gln	Arg	Ala	Thr
				725					730					735	

Val	Gly	Leu	Thr	Asp	Gly	Leu	Gly	Asp	Ala	Ser	Gln	Leu	Pro	Val	Ala
			740					745					750		

Pro	Thr	Gly	Asp	Gln	Pro	Cys	Gln	Ala	Leu	Pro	Leu	Leu	Ser	Ser	Gln
		755					760					765			

Thr	Ser	Val	Ala	Glu	Arg	Leu	Val	Glu	Gln	Pro	Gln	Leu	His	Pro	Asp
	770					775					780				

Val	Arg	Thr	Glu	Cys	Glu	Ser	Gly	Thr	Thr	Ser	Trp	Glu	Ser	Asp	Asp
785					790					795					800

Glu	Glu	Gln	Gly	Pro	Thr	Val	Pro	Ala	Asp	Asn	Gly	Pro	Ile	Pro	Ser
				805					810					815	

Leu	Val	Gly	Asp	Asp	Thr	Leu	Glu	Lys	Gly	Thr	Gly	Gln	Ala	Leu	Asp
			820					825					830		

Ser	His	Pro	Thr	Met	Lys	Asp	Pro	Val	Asn	Val	Thr	Pro	Ser	Ser	Thr
		835					840					845			

Pro	Glu	Ser	Ser	Pro	Thr	Asp	Cys	Leu	Gln	Asn	Arg	Ala	Phe	Asp	Asp
	850					855					860				

Glu	Leu	Gly	Leu	Gly	Gly	Ser	Cys	Pro	Pro	Met	Arg	Glu	Ser	Asp	Thr
865					870					875					880

Arg	Gln	Glu	Asn	Leu	Lys	Thr	Lys	Ala	Leu	Val	Ser	Asn	Ser	Ser	Leu
				885					890					895	

His	Trp	Ile	Pro	Ile	Pro	Ser	Asn	Asp	Glu	Val	Val	Lys	Gln	Pro	Lys
			900					905					910		

Pro Glu Ser Arg Glu His Ile Pro Ser Val Glu Pro Gln Val Gly Glu
915 920 925

Glu Trp Glu Lys Ala Ala Pro Thr Pro Pro Ala Leu Pro Gly Asp Leu
930 935 940

Thr Ala Glu Glu Gly Leu Asp Pro Leu Asp Ser Leu Thr Ser Leu Trp
945 950 955 960

Thr Val Pro Ser Arg Gly Gly Ser Asp Ser Asn Gly Ser Tyr Cys Gln
965 970 975

Gln Val Asp Ile Glu Lys Leu Lys Ile Asn Gly Asp Ser Glu Ala Leu
980 985 990

Ser Pro His Gly Glu Ser Thr Asp Thr Ala Ser Asp Phe Glu Gly His
995 1000 1005

Leu Thr Glu Asp Ser Ser Glu Ala Asp Thr Arg Glu Ala Ala Val
1010 1015 1020

Thr Lys Gly Ser Ser Val Asp Lys Asp Glu Lys Pro Asn Trp Asn
1025 1030 1035

Gln Ser Ala Pro Leu Ser Lys Val Asn Gly Asp Met Arg Leu Val
1040 1045 1050

Thr Arg Thr Asp Gly Met Val Ala Pro Gln Ser Trp Val Ser Arg
1055 1060 1065

Val Cys Ala Val Arg Gln Lys Ile Pro Asp Ser Leu Leu Leu Ala
1070 1075 1080

Ser Thr Glu Tyr Gln Pro Arg Ala Val Cys Leu Ser Met Pro Gly
1085 1090 1095

Ser	Ser	Val	Glu	Ala	Thr	Asn	Pro	Leu	Val	Met	Gln	Leu	Leu	Gln
1100						1105					1110			
Gly	Ser	Leu	Pro	Leu	Glu	Lys	Val	Leu	Pro	Pro	Ala	His	Asp	Asp
1115						1120					1125			
Ser	Met	Ser	Glu	Ser	Pro	Gln	Val	Pro	Leu	Thr	Lys	Asp	Gln	Ser
1130						1135					1140			
His	Gly	Ser	Leu	Arg	Met	Gly	Ser	Leu	His	Gly	Leu	Gly	Lys	Asn
1145						1150					1155			
Ser	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Ser	Ser	Pro	Ser	Ser	Leu	Arg	Ala	Leu
1160						1165					1170			
Lys	Glu	Pro	Leu	Leu	Pro	Asp	Ser	Cys	Glu	Thr	Gly	Thr	Gly	Leu
1175						1180					1185			
Ala	Arg	Ile	Glu	Ala	Thr	Gln	Ala	Pro	Gly	Ala	Pro	Gln	Lys	Asn
1190						1195					1200			
Cys	Lys	Ala	Val	Pro	Ser	Phe	Asp	Ser	Leu	His	Pro	Val	Thr	Asn
1205						1210					1215			
Pro	Ile	Thr	Ser	Ser	Arg	Lys	Leu	Glu	Glu	Met	Asp	Ser	Lys	Glu
1220						1225					1230			
Gln	Phe	Ser	Ser	Phe	Ser	Cys	Glu	Asp	Gln	Lys	Glu	Val	Arg	Ala
1235						1240					1245			
Met	Ser	Gln	Asp	Ser	Asn	Ser	Asn	Ala	Ala	Pro	Gly	Lys	Ser	Pro
1250						1255					1260			
Gly	Asp	Leu	Thr	Thr	Ser	Arg	Thr	Pro	Arg	Phe	Ser	Ser	Pro	Asn
1265						1270					1275			
Val	Ile	Ser	Phe	Gly	Pro	Glu	Gln	Thr	Gly	Arg	Ala	Leu	Gly	Asp
1280						1285					1290			

Gln	Ser	Asn	Val	Thr	Gly	Gln	Gly	Lys	Lys	Leu	Phe	Gly	Ser	Gly
1295						1300					1305			
Asn	Val	Ala	Ala	Thr	Leu	Gln	Arg	Pro	Arg	Pro	Ala	Asp	Pro	Met
1310						1315					1320			
Pro	Leu	Pro	Ala	Glu	Ile	Pro	Pro	Val	Phe	Pro	Ser	Gly	Lys	Leu
1325						1330					1335			
Gly	Pro	Ser	Thr	Asn	Ser	Met	Ser	Gly	Gly	Val	Gln	Thr	Pro	Arg
1340						1345					1350			
Glu	Asp	Trp	Ala	Pro	Lys	Pro	His	Ala	Phe	Val	Gly	Ser	Val	Lys
1355						1360					1365			
Asn	Glu	Lys	Thr	Phe	Val	Gly	Gly	Pro	Leu	Lys	Ala	Asn	Ala	Glu
1370						1375					1380			
Asn	Arg	Lys	Ala	Thr	Gly	His	Ser	Pro	Leu	Glu	Leu	Val	Gly	His
1385						1390					1395			
Leu	Glu	Gly	Met	Pro	Phe	Val	Met	Asp	Leu	Pro	Phe	Trp	Lys	Leu
1400						1405					1410			
Pro	Arg	Glu	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Ser	Glu	Pro	Leu	Glu	Pro	Ser
1415						1420					1425			
Ser	Leu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ser	Ile	Lys	Gln	Ala	Phe	Tyr	Gly	Lys
1430						1435					1440			
Leu	Ser	Lys	Leu	Gln	Leu	Ser	Ser	Thr	Ser	Phe	Asn	Tyr	Ser	Ser
1445						1450					1455			
Ser	Ser	Pro	Thr	Phe	Pro	Lys	Gly	Leu	Ala	Gly	Ser	Val	Val	Gln
1460						1465					1470			

Leu Ser His Lys Ala Asn Phe Gly Ala Ser His Ser Ala Ser Leu
1475 1480 1485

Ser Leu Gln Met Phe Thr Asp Ser Ser Thr Val Glu Ser Ile Ser
1490 1495 1500

Leu Gln Cys Ala Cys Ser Leu Lys Ala Met Ile Met Cys Gln Gly
1505 1510 1515

Cys Gly Ala Phe Cys His Asp Asp Cys Ile Gly Pro Ser Lys Leu
1520 1525 1530

Cys Val Leu Cys Leu Val Val Arg
1535 1540

<210> 49
<211> 3124
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (313)..(1731)
<223>

<400> 49
taagatccac atcagctcaa ctgcacttgc ctcgcagagg cagcccgcctc acttcccgcg 60

gaggcgctcc ccggcgccgc gctccgcggc agccgcctgc ccccggcgcct gcccccgccc 120

gccgcgcccgc cgcgcgccgc gcgcacgccg cgcgccgcag ctctgggctt cctcttcgcc 180

cgggtggcgt tggggccgcg cgggcgcctcg ggtgactgca gctgctcagc tcccctcccc 240

cgccccgcgc cgcgcggccg cccgtcgcctt cgcacagggc tggatggttg tattgggcag 300

ggtggctcca gg atg tta gga act gtg aag atg gaa ggg cat gaa acc agc 351
Met Leu Gly Thr Val Lys Met Glu Gly His Glu Thr Ser
1 5 10

gac tgg aac agc tac tac gca gac acg cag gag gcc tac tcc tcc gtc 399
Asp Trp Asn Ser Tyr Tyr Ala Asp Thr Gln Glu Ala Tyr Ser Ser Val
15 20 25

ccg gtc agc aac atg aac tca ggc ctg ggc tcc atg aac tcc atg aac 447

Pro 30	Val	Ser	Asn	Met	Asn 35	Ser	Gly	Leu	Gly	Ser 40	Met	Asn	Ser	Met	Asn 45	
acc Thr	tac Tyr	atg Met	acc Thr	atg Met	aac Asn	acc Thr	atg Met	act Thr	acg Thr	agc Ser	ggc Gly	aac Asn	atg Met	acc Thr	ccg Pro	495
				50					55					60		
gcg Ala	tcc Ser	ttc Phe	aac Asn	atg Met	tcc Ser	tat Tyr	gcc Ala	aac Asn	ccg Pro	ggc Gly	cta Leu	ggg Gly	gcc Ala	ggc Gly	ctg Leu	543
			65				70						75			
agt Ser	ccc Pro	ggc Gly	gca Ala	gta Val	gcc Ala	ggc Gly	atg Met	ccg Pro	ggg Gly	ggc Gly	tcg Ser	gcg Ala	ggc Gly	gcc Ala	atg Met	591
		80					85					90				
aac Asn	agc Ser	atg Met	act Thr	gcg Ala	gcc Ala	ggc Gly	gtg Val	acg Thr	gcc Ala	atg Met	ggg Gly	acg Thr	gcg Ala	ctg Leu	agc Ser	639
	95					100					105					
ccg Pro	agc Ser	ggc Gly	atg Met	ggc Gly	gcc Ala	atg Met	ggg Gly	gcg Ala	cag Gln	cag Gln	gcg Ala	gcc Ala	tcc Ser	atg Met	aat Asn	687
110					115					120					125	
ggc Gly	ctg Leu	ggc Gly	ccc Pro	tac Tyr	gcg Ala	gcc Ala	gcc Ala	atg Met	aac Asn	ccg Pro	tgc Cys	atg Met	agc Ser	ccc Pro	atg Met	735
				130						135				140		
gcg Ala	tac Tyr	gcg Ala	ccg Pro	tcc Ser	aac Asn	ctg Leu	ggc Gly	cgc Arg	agc Ser	cgc Arg	gcg Ala	ggc Gly	ggc Gly	ggc Gly	ggc Gly	783
			145					150					155			
gac Asp	gcc Ala	aag Lys	acg Thr	ttc Phe	aag Lys	cgc Arg	agc Ser	tac Tyr	ccg Pro	cac His	gcc Ala	aag Lys	ccg Pro	ccc Pro	tac Tyr	831
		160					165					170				
tcg Ser	tac Tyr	atc Ile	tcg Ser	ctc Leu	atc Ile	acc Thr	atg Met	gcc Ala	atc Ile	cag Gln	cag Gln	gcg Ala	ccc Pro	agc Ser	aag Lys	879
	175					180					185					
atg Met	ctc Leu	acg Thr	ctg Leu	agc Ser	gag Glu	atc Ile	tac Tyr	cag Gln	tgg Trp	atc Ile	atg Met	gac Asp	ctc Leu	ttc Phe	ccc Pro	927
190					195					200					205	
tat Tyr	tac Tyr	cgg Arg	cag Gln	aac Asn	cag Gln	cag Gln	cgc Arg	tgg Trp	cag Gln	aac Asn	tcc Ser	atc Ile	cgc Arg	cac His	tcg Ser	975
				210				215						220		
ctg Leu	tcc Ser	ttc Phe	aat Asn	gac Asp	tgc Cys	ttc Phe	gtc Val	aag Lys	gtg Val	gca Ala	cgc Arg	tcc Ser	ccg Pro	gac Asp	aag Lys	1023
			225					230					235			

c c g	g g c	a a g	g g c	t c c	t a c	t g g	a c g	c t g	c a c	c c g	g a c	t c c	g g c	a a c	a t g	1071
Pro	Gly	Lys	Gly	Ser	Tyr	Trp	Thr	Leu	His	Pro	Asp	Ser	Gly	Asn	Met	
		240					245					250				
t t c	g a g	a a c	g g c	t g c	t a c	t t g	c g c	c g c	c a g	a a g	c g c	t t c	a a g	t g c	g a g	1119
Phe	Glu	Asn	Gly	Cys	Tyr	Leu	Arg	Arg	Gln	Lys	Arg	Phe	Lys	Cys	Glu	
	255					260					265					
a a g	c a g	c c g	g g g	g c c	g g c	g g c	g g g	g g c	g g g	a g c	g g a	a g c	g g g	g g c	a g c	1167
Lys	Gln	Pro	Gly	Ala	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Gly	Ser	
270					275					280					285	
g g c	g c c	a a g	g g c	g g c	c c t	g a g	a g c	c g c	a a g	g a c	c c c	t c t	g g c	g c c	t c t	1215
Gly	Ala	Lys	Gly	Gly	Pro	Glu	Ser	Arg	Lys	Asp	Pro	Ser	Gly	Ala	Ser	
			290					295						300		
a a c	c c c	a g c	g c c	g a c	t c g	c c c	c t c	c a t	c g g	g g t	g t g	c a c	g g g	a a g	a c c	1263
Asn	Pro	Ser	Ala	Asp	Ser	Pro	Leu	His	Arg	Gly	Val	His	Gly	Lys	Thr	
			305					310					315			
g g c	c a g	c t a	g a g	g g c	g c g	c c g	g c c	c c c	g g g	c c c	g c c	g c c	a g c	c c c	c a g	1311
Gly	Gln	Leu	Glu	Gly	Ala	Pro	Ala	Pro	Gly	Pro	Ala	Ala	Ser	Pro	Gln	
	320					325					330					
a c t	c t g	g a c	c a c	a g t	g g g	g c g	a c g	g c g	a c a	g g g	g g c	g c c	t c g	g a g	t t g	1359
Thr	Leu	Asp	His	Ser	Gly	Ala	Thr	Ala	Thr	Gly	Gly	Ala	Ser	Glu	Leu	
	335				340					345						
a a g	a c t	c c a	g c c	t c c	t c a	a c t	g c g	c c c	c c c	a t a	a g c	t c c	g g g	c c c	g g g	1407
Lys	Thr	Pro	Ala	Ser	Ser	Thr	Ala	Pro	Pro	Ile	Ser	Ser	Gly	Pro	Gly	
350					355					360					365	
g c g	c t g	g c c	t c t	g t g	c c c	g c c	t c t	c a c	c c g	g c a	c a c	g g c	t t g	g c a	c c c	1455
Ala	Leu	Ala	Ser	Val	Pro	Ala	Ser	His	Pro	Ala	His	Gly	Leu	Ala	Pro	
			370					375					380			
c a c	g a g	t c c	c a g	c t g	c a c	c t g	a a a	g g g	g a c	c c c	c a c	t a c	t c c	t t c	a a c	1503
His	Glu	Ser	Gln	Leu	His	Leu	Lys	Gly	Asp	Pro	His	Tyr	Ser	Phe	Asn	
			385					390				395				
c a c	c c g	t t c	t c c	a t c	a a c	a a c	c t c	a t g	t c c	t c c	t c g	g a g	c a g	c a g	c a t	1551
His	Pro	Phe	Ser	Ile	Asn	Asn	Leu	Met	Ser	Ser	Ser	Glu	Gln	Gln	His	
	400						405					410				
a a g	c t g	g a c	t t c	a a g	g c a	t a c	g a a	c a g	g c a	c t g	c a a	t a c	t c g	c c t	t a c	1599
Lys	Leu	Asp	Phe	Lys	Ala	Tyr	Glu	Gln	Ala	Leu	Gln	Tyr	Ser	Pro	Tyr	
	415					420				425						
g g c	t c t	a c g	t t g	c c c	g c c	a g c	c t g	c c t	c t a	g g c	a g c	g c c	t c g	g t g	a c c	1647

Gly Ser Thr Leu Pro Ala Ser Leu Pro Leu Gly Ser Ala Ser Val Thr
430 435 440 445

acc agg agc ccc atc gag ccc tca gcc ctg gag ccg gcg tac tac caa 1695
Thr Arg Ser Pro Ile Glu Pro Ser Ala Leu Glu Pro Ala Tyr Tyr Gln
450 455 460

ggt gtg tat tcc aga ccc gtc cta aac act tcc tag ctcccgaggac 1741
Gly Val Tyr Ser Arg Pro Val Leu Asn Thr Ser
465 470

tgggggggttt gtctggcata gccatgctgg tagcaagaga gaaaaaatca acagcaaaaca 1801

aaaccacaca aaccaaaccg tcaacagcat aataaaatcc caacaactat ttttatttca 1861

tttttcatgc acaacctttc ccccagtgca aaagactggt actttattat tgtattcaaa 1921

attcattgtg tataattacta caaagacaac cccaaaccaaa tttttttcct gcgaagttaa 1981

atgatccaca agtgtatata tgaaattctc ctcccttcctt gccccctct ctttcttccc 2041

tctttccctt ccagacattc tagtttgtgg agggttattt aaaaaaaca aaaaggaga 2101

tgggtcaagtt tgtaaaatat ttgtttgtgc tttttccccc tccttacctg acccctacg 2161

agtttacagg tctgtggcaa tactcttaac cataagaatt gaaatggtga agaaacaagt 2221

atacactaga ggctcttaaa agtattgaaa gacaatactg ctgttatata gcaagacata 2281

aacagattat aaacatcaga gccatttgct tctcagttta catttctgat acatgcagat 2341

agcagatgtc tttaaatgaa atacatgtat attgtgtatg gacttaatta tgcacatgct 2401

cagatgtgta gacatcctcc gtatatatttac ataacatata gaggtaatag ataggtgata 2461

tacatgatac attctcaaga gttgcttgac cgaaagtta aaggaccca acccctttgt 2521

cctctctacc cacagatggc cctgggaatc aattcctcag gaattgccct caagaactct 2581

gcttcttgct ttgcagagtg ccatgggtcat gtcattctga ggtcacataa cacataaaat 2641

tagtttctat gagtgtatac catttaaaga attttttttt cagtaaaagg gaatattaca 2701

atgttggagg agagataagt tatagggage tggattttcaa aacgtggtcc aagattcaaa 2761

aatectattg atagtggcca ttttaatcat tgccatcgtg tgcttgtttc atccagtggt 2821

atgcactttc cacagttgga catgggtgtta gtatagccag acgggtttca ttattatttc 2881

tctttgcttt ctcaatgtta atttattgca tggtttatte tttttcttta cagctgaaat 2941

tgctttaaat gatggttaaa attacaaatt aaattgttaa tttttatcaa tgtgattgta 3001
attaanaata ttttgattta aataacaaaa ataataccag attttaagcc gtggaaaatg 3061
ttcttgatca tttgcagtta aggactttta ataatcaaaa tgttaacaaa aaaaaaaaaa 3121
aaa 3124

<210> 50
<211> 472
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 50

Met Leu Gly Thr Val Lys Met Glu Gly His Glu Thr Ser Asp Trp Asn
1 5 10 15

Ser Tyr Tyr Ala Asp Thr Gln Glu Ala Tyr Ser Ser Val Pro Val Ser
20 25 30

Asn Met Asn Ser Gly Leu Gly Ser Met Asn Ser Met Asn Thr Tyr Met
35 40 45

Thr Met Asn Thr Met Thr Thr Ser Gly Asn Met Thr Pro Ala Ser Phe
50 55 60

Asn Met Ser Tyr Ala Asn Pro Gly Leu Gly Ala Gly Leu Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Val Ala Gly Met Pro Gly Gly Ser Ala Gly Ala Met Asn Ser Met
85 90 95

Thr Ala Ala Gly Val Thr Ala Met Gly Thr Ala Leu Ser Pro Ser Gly
100 105 110

Met Gly Ala Met Gly Ala Gln Gln Ala Ala Ser Met Asn Gly Leu Gly
115 120 125

Pro Tyr Ala Ala Ala Met Asn Pro Cys Met Ser Pro Met Ala Tyr Ala

130				135				140							
Pro	Ser	Asn	Leu	Gly	Arg	Ser	Arg	Ala	Gly	Gly	Gly	Gly	Asp	Ala	Lys
145					150					155					160
Thr	Phe	Lys	Arg	Ser	Tyr	Pro	His	Ala	Lys	Pro	Pro	Tyr	Ser	Tyr	Ile
				165					170					175	
Ser	Leu	Ile	Thr	Met	Ala	Ile	Gln	Gln	Ala	Pro	Ser	Lys	Met	Leu	Thr
			180					185					190		
Leu	Ser	Glu	Ile	Tyr	Gln	Trp	Ile	Met	Asp	Leu	Phe	Pro	Tyr	Tyr	Arg
		195					200					205			
Gln	Asn	Gln	Gln	Arg	Trp	Gln	Asn	Ser	Ile	Arg	His	Ser	Leu	Ser	Phe
	210					215					220				
Asn	Asp	Cys	Phe	Val	Lys	Val	Ala	Arg	Ser	Pro	Asp	Lys	Pro	Gly	Lys
225					230					235					240
Gly	Ser	Tyr	Trp	Thr	Leu	His	Pro	Asp	Ser	Gly	Asn	Met	Phe	Glu	Asn
				245					250					255	
Gly	Cys	Tyr	Leu	Arg	Arg	Gln	Lys	Arg	Phe	Lys	Cys	Glu	Lys	Gln	Pro
			260					265					270		
Gly	Ala	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Gly	Ser	Gly	Ala	Lys
		275					280					285			
Gly	Gly	Pro	Glu	Ser	Arg	Lys	Asp	Pro	Ser	Gly	Ala	Ser	Asn	Pro	Ser
	290					295					300				
Ala	Asp	Ser	Pro	Leu	His	Arg	Gly	Val	His	Gly	Lys	Thr	Gly	Gln	Leu
305					310					315					320
Glu	Gly	Ala	Pro	Ala	Pro	Gly	Pro	Ala	Ala	Ser	Pro	Gln	Thr	Leu	Asp
				325					330					335	

His Ser Gly Ala Thr Ala Thr Gly Gly Ala Ser Glu Leu Lys Thr Pro
340 345 350

Ala Ser Ser Thr Ala Pro Pro Ile Ser Ser Gly Pro Gly Ala Leu Ala
355 360 365

Ser Val Pro Ala Ser His Pro Ala His Gly Leu Ala Pro His Glu Ser
370 375 380

Gln Leu His Leu Lys Gly Asp Pro His Tyr Ser Phe Asn His Pro Phe
385 390 395 400

Ser Ile Asn Asn Leu Met Ser Ser Ser Glu Gln Gln His Lys Leu Asp
405 410 415

Phe Lys Ala Tyr Glu Gln Ala Leu Gln Tyr Ser Pro Tyr Gly Ser Thr
420 425 430

Leu Pro Ala Ser Leu Pro Leu Gly Ser Ala Ser Val Thr Thr Arg Ser
435 440 445

Pro Ile Glu Pro Ser Ala Leu Glu Pro Ala Tyr Tyr Gln Gly Val Tyr
450 455 460

Ser Arg Pro Val Leu Asn Thr Ser
465 470

<210> 51
<211> 3780
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (960)..(2282)
<223>

<400> 51
agagcgctgc cgccgccgct ttcgcccggg agccggggggc cgggcgccat catgctgagc 60

cggctcggggcgctgctgca	ggaagccgtgggggcgcgcg	agcccagcat	tgacctgctg	120
caggccttcgtggagcactg	gaaggggcatcacgcactact	acatcgagag	cacagatgaa	180
agcacccccgcgaagaagac	agacattccc	tggcggctga	agcagatgct	240
gtgtatgaagagcagcagca	ggcggccgcgggtgaggcag	ggccctgcct	ggagtacctg	300
ctgcagcacaagatcctgga	gactctctgcacgctggggca	aggccgagta	ccccccaggc	360
atgcgggcagcagggtgttcca	gttctttcagcaaggtttctgg	cgcagggtgca	gcacccccctg	420
ctgcattacc	tcagcgtcca	caggcctgtg	cagaaactcc	480
tccggatccgttacagaaaa	ggaggagggtgcagttcacca	ccgtcctctg	ctccaagatc	540
cagcaggacc	cagagctgct	cgcctacatc	ctggaaggta	600
aaaagcattgcggagaaccac	tgccttgcc	aaggacacaa	ccagccacgg	660
ggacaaggac	tgctcccacgatggtgctcc	tgccaggccc	cagctggacg	720
gggagtcctgtgggggcccag	gccttgaacagccacatgcc	tgctgagacc	gaggagctgg	780
acgggtgggac	cacagagagc	aaacctgattacctccctgct	tgggctgtgc	840
cagagcaaga	agagtcgggt	ggccttgaag	gcccaggagaaacctgctgct	900
cctggtgagc	atggcctccc	cagcagctgc	cacctacctg	959
gtacagagcagcgccctgctg	ccctgcgatc	gtccgggcact	ttgccagttgtaccgggtcc	
atgcctgtcttcctg	gacccc	gca	gacattgcc	1007
acc	tta	gag	ggc	atc
Met	Pro	Val	Phe	Leu
1	5	10	15	
agg	tgg	agg	tta	ccc
ag	ag	g	g	g
Ser	Trp	Arg	Leu	Pro
20	25	30		
aag	gag	gcc	ttg	gct
g	g	g	t	t
Lys	Glu	Ala	Leu	Ala
35	40	45		
ctc	atc	aca	gag	gca
c	c	a	c	a
Leu	Ile	Thr	Glu	Ala
50	55	60		
gtg	gct	gag	aac	ttc
t	t	g	g	a
Val	Ala	Glu	Asn	Phe
65	70	75	80	

gtg	tcc	gag	cag	agc	atc	ttg	acc	tcc	acc	gcc	ctc	ctc	aca	gcc	atg	1247
Val	Ser	Glu	Gln	Ser	Ile	Leu	Thr	Ser	Thr	Ala	Leu	Leu	Thr	Ala	Met	
				85					90					95		
ctg	cgc	cag	ctt	cgc	tcc	cct	gcg	ctg	ctg	cgg	gag	gcc	gtg	gct	ttc	1295
Leu	Arg	Gln	Leu	Arg	Ser	Pro	Ala	Leu	Leu	Arg	Glu	Ala	Val	Ala	Phe	
			100					105					110			
ctc	ctg	ggc	aca	gac	cgg	cag	cct	gaa	gcc	ccc	ggg	gac	aac	ccc	cac	1343
Leu	Leu	Gly	Thr	Asp	Arg	Gln	Pro	Glu	Ala	Pro	Gly	Asp	Asn	Pro	His	
		115					120					125				
acc	ctg	tat	gct	cat	ctc	atc	ggg	cat	tgt	gac	cac	ctc	tct	gat	gag	1391
Thr	Leu	Tyr	Ala	His	Leu	Ile	Gly	His	Cys	Asp	His	Leu	Ser	Asp	Glu	
	130					135					140					
atc	agc	atc	acc	aca	ctc	cgg	ctg	ttt	gag	gag	ctg	ctg	cag	aag	ccc	1439
Ile	Ser	Ile	Thr	Thr	Leu	Arg	Leu	Phe	Glu	Glu	Leu	Leu	Gln	Lys	Pro	
145					150					155					160	
cac	gag	ggg	atc	atc	cac	agc	ctg	gtc	ctg	cgc	aac	ctt	gag	ggc	cgc	1487
His	Glu	Gly	Ile	Ile	His	Ser	Leu	Val	Leu	Arg	Asn	Leu	Glu	Gly	Arg	
				165					170					175		
cct	tac	gtg	gcc	tgg	ggc	tca	cca	gag	cct	gag	agc	tat	gag	gac	acc	1535
Pro	Tyr	Val	Ala	Trp	Gly	Ser	Pro	Glu	Pro	Glu	Ser	Tyr	Glu	Asp	Thr	
			180					185					190			
cta	gac	ctg	gag	gaa	gac	ccc	tac	ttc	acc	gac	agc	ttc	ctg	gat	tcc	1583
Leu	Asp	Leu	Glu	Glu	Asp	Pro	Tyr	Phe	Thr	Asp	Ser	Phe	Leu	Asp	Ser	
		195					200					205				
ggc	ttt	caa	act	ccc	gca	aag	cct	cgc	cta	gct	cct	gct	acc	agt	tac	1631
Gly	Phe	Gln	Thr	Pro	Ala	Lys	Pro	Arg	Leu	Ala	Pro	Ala	Thr	Ser	Tyr	
	210					215					220					
gat	ggc	aaa	aca	gca	gtg	acc	gag	atc	gtc	aac	agt	ttc	ctg	tgc	ctg	1679
Asp	Gly	Lys	Thr	Ala	Val	Thr	Glu	Ile	Val	Asn	Ser	Phe	Leu	Cys	Leu	
225					230					235					240	
gtc	ccc	gag	gaa	gcc	aag	acc	tct	gcc	ttc	ctg	gag	gag	aca	ggc	tat	1727
Val	Pro	Glu	Glu	Ala	Lys	Thr	Ser	Ala	Phe	Leu	Glu	Glu	Thr	Gly	Tyr	
				245					250					255		
gac	aca	tac	gtc	cac	gat	gct	tat	ggc	ctg	ttc	cag	gag	tgc	agc	tcc	1775
Asp	Thr	Tyr	Val	His	Asp	Ala	Tyr	Gly	Leu	Phe	Gln	Glu	Cys	Ser	Ser	
			260					265					270			
cgc	gtc	gcc	tcc	tgg	ggc	tgg	cct	ctg	acc	ccc	aca	cct	ttg	gac	ccc	1823
Arg	Val	Ala	Ser	Trp	Gly	Trp	Pro	Leu	Thr	Pro	Thr	Pro	Leu	Asp	Pro	

275	280	285	
cat gag ccc gag cga cct ttc ttc gag ggc cac ttc ctc cga gtg ctg			1871
His Glu Pro Glu Arg Pro Phe Phe Glu Gly His Phe Leu Arg Val Leu			
290	295	300	
ttt gac cgc atg tcc cgg att ctg gat cag cca tac agc ctg aac ctg			1919
Phe Asp Arg Met Ser Arg Ile Leu Asp Gln Pro Tyr Ser Leu Asn Leu			
305	310	315	320
cag gtg acc tcg gtc ctg tcc cgg ctt gcc ctc ttc ccc cac ccc cat			1967
Gln Val Thr Ser Val Leu Ser Arg Leu Ala Leu Phe Pro His Pro His			
	325	330	335
att cat gag tac ctg ctg gat ccg tac atc agc ctg gcc ccc ggc tgc			2015
Ile His Glu Tyr Leu Leu Asp Pro Tyr Ile Ser Leu Ala Pro Gly Cys			
	340	345	350
agg agc cta ttc tcc gtg ttg gtg agg gtg atc ggg gac ttg atg cag			2063
Arg Ser Leu Phe Ser Val Leu Val Arg Val Ile Gly Asp Leu Met Gln			
	355	360	365
aga atc cag agg gta ccc cag ttc cca ggc aag ctg ctc ctg gtg cgc			2111
Arg Ile Gln Arg Val Pro Gln Phe Pro Gly Lys Leu Leu Leu Val Arg			
	370	375	380
aag cag ttg acg ggc cag gct cct ggg gag cag ctg gac cac cag acc			2159
Lys Gln Leu Thr Gly Gln Ala Pro Gly Glu Gln Leu Asp His Gln Thr			
385	390	395	400
ctc ctc cag ggc gtg gtg gtg ctg gag gag ttc tgc aag gag ctg gct			2207
Leu Leu Gln Gly Val Val Val Leu Glu Glu Phe Cys Lys Glu Leu Ala			
	405	410	415
gcc att gcc ttc gtc aag ttt ccc cca cat gat cct cgc cag aac gtc			2255
Ala Ile Ala Phe Val Lys Phe Pro Pro His Asp Pro Arg Gln Asn Val			
	420	425	430
tcc cca gcc ccg gaa ggg cag gtc tga gccagcacca gggcgggtggg			2302
Ser Pro Ala Pro Glu Gly Gln Val			
	435	440	
agactcctgt ccacacctct gccccagagc tgcctcctgc ctggcactgc cgccacactc			2362
ccctcctggg atggggcttc tgctcccggg ctcaactcaag gagactgcgg catgttgacc			2422
acaccagact gggtttcagg gaatgggcat gccaggtgcc aaggagccaa acagatggct			2482
ttccaggcag caaggtcctt gggggccttct tggaggagct tgggtgacag ccaggtgagc			2542

a c c c a g a c c c	c a g a c c c t c a	t g t g c t g t g t	g c c t g g c c c c	t t c t g t a c t g	g c c a t t t g t g	2602
g c c a g g g c c a	a g c c t g t g a c	t c a a c t c c a g	g g g c a a g a t g	g g g a g t g a g c	t g a t g g c t c c	2662
g a g a c t g g t c	a g g a g c c c a g	g c c a g t g a g a	t g g g g c c t g g	a g c c t t g t c t	g t g t c a c a t t	2722
a g g t a c c a t g	g g a g c t g c t g	a g a c c t g a c a	t t t t g t c c c c	t g c c t a c a t g	g c t t g g c c c a	2782
t g g a g a a g g a	g c a g t g a a t g	g g a t c g t c g g	g g a a g c c c c t	c t t c c t g c t c	t g c t c c c c t g	2842
g a a a c t g t t g	c a a a a c t c c c	a g c c g c c t c a	t g g c a a a t g c	c c a a a g c a t g	t t c c g c a c c c	2902
a g g c g g g g g c	c c c t g c t a a t	g a g a a c c t t g	g t g c a g c t g c	a g c c a g g a g g	g g a g c g g g c c	2962
c a g g a g c c a g	g c t c a g g t c c	a g c t g g t t c c	t c t c t g g c g c	c t t c t g a a c c	c g t c t c a g c a	3022
g g t c c a c a g c	a c c t g g g c a g	a g g t c a g a g a	c c a g g g g a g g	c c g g g c c t t g	c c c t c c c t t c	3082
t g c c c a g g g c	c c a g t g t t c t	t g a t a g a a g a	c c c t t c t g g g	g a g c c a g g g a	g c t c a g g g g a	3142
c a g a t a a g g g	a a g g a c g c c c	c c t g a c t c c a	g g c c c c t g a g	c c t g g c g g g a	a g t g g c t g c g	3202
g c c c a g g c a g	c c a g t c c t g g	t g g t g t t c t c	c c t g c a t g c c	c t c c g t g g c t	g g g c t g c c a c	3262
c c c a c c c g g c	c c g a a t c t g t	c t t g a c c t g c	a g g a a t a c a c	g g g c g g c g c c	a g g c a t t a c c	3322
t c a c a g c g g g	a c t a c a c a g t	t g c t g g c t t t	g c t c c t g g g c	a a g g a g g a g c	a g g c c a g a g c	3382
c t c t t t t g c t	t c c t t t t c t t	g c c c a t g c c g	c t t c t a g a a g	c c a g g c a c a g	g t t g c c a a g a	3442
g g t g a c a c g a	a a c a g g a g g a	a a c t c a g t g a	c c t c t g c c t c	t c c c a c a t t c	c t c c c c g c g g	3502
g g g a g g a c c t	c g c c g c t c t g	a a g a g c a c c g	t g c a c a t g t g	g g t g c a c a a a	c g t g g g t g t t	3562
g g t g t g g a c g	g g g c g c a g a t	c t c c g t g g a t	g a a c t g c g t c	t g g a c t c t t a	g a t t c a t a a a	3622
a t a t t c g a g g	g t t t g g g a g t	c a c a g a c c c t	c c c c t c t c c t	c a g t g c a c t t	t g g c a t t t g c	3682
a c g g t g t c t t	c c c c g g a c a g	c a c a g c a a t a	a a t g g t g t g a	t t g c g t g g a a	a a a a a a a a a a	3742
a a a a a a a a a a	a a a a a a a a a a	a a a a a a a a a a	a a a a a a a a			3780

<210> 52
<211> 440
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 52

Met	Pro	Val	Phe	Leu	Asp	Pro	Ala	Asp	Ile	Ala	Thr	Leu	Glu	Gly	Ile
1				5					10					15	
Ser	Trp	Arg	Leu	Pro	Ser	Ala	Pro	Ser	Asp	Glu	Ala	Ser	Phe	Pro	Gly
			20					25					30		
Lys	Glu	Ala	Leu	Ala	Ala	Phe	Leu	Gly	Trp	Phe	Asp	Tyr	Cys	Asp	His
		35					40					45			
Leu	Ile	Thr	Glu	Ala	His	Thr	Val	Val	Ala	Asp	Ala	Leu	Ala	Lys	Ala
	50					55					60				
Val	Ala	Glu	Asn	Phe	Phe	Val	Glu	Thr	Leu	Gln	Pro	Gln	Leu	Leu	His
65					70					75					80
Val	Ser	Glu	Gln	Ser	Ile	Leu	Thr	Ser	Thr	Ala	Leu	Leu	Thr	Ala	Met
				85					90					95	
Leu	Arg	Gln	Leu	Arg	Ser	Pro	Ala	Leu	Leu	Arg	Glu	Ala	Val	Ala	Phe
			100					105					110		
Leu	Leu	Gly	Thr	Asp	Arg	Gln	Pro	Glu	Ala	Pro	Gly	Asp	Asn	Pro	His
		115					120					125			
Thr	Leu	Tyr	Ala	His	Leu	Ile	Gly	His	Cys	Asp	His	Leu	Ser	Asp	Glu
	130					135					140				
Ile	Ser	Ile	Thr	Thr	Leu	Arg	Leu	Phe	Glu	Glu	Leu	Leu	Gln	Lys	Pro
145					150					155					160
His	Glu	Gly	Ile	Ile	His	Ser	Leu	Val	Leu	Arg	Asn	Leu	Glu	Gly	Arg
				165					170					175	
Pro	Tyr	Val	Ala	Trp	Gly	Ser	Pro	Glu	Pro	Glu	Ser	Tyr	Glu	Asp	Thr
			180					185					190		
Leu	Asp	Leu	Glu	Glu	Asp	Pro	Tyr	Phe	Thr	Asp	Ser	Phe	Leu	Asp	Ser
		195					200					205			

Gly	Phe	Gln	Thr	Pro	Ala	Lys	Pro	Arg	Leu	Ala	Pro	Ala	Thr	Ser	Tyr
	210					215					220				
Asp	Gly	Lys	Thr	Ala	Val	Thr	Glu	Ile	Val	Asn	Ser	Phe	Leu	Cys	Leu
225					230					235					240
Val	Pro	Glu	Glu	Ala	Lys	Thr	Ser	Ala	Phe	Leu	Glu	Glu	Thr	Gly	Tyr
				245					250					255	
Asp	Thr	Tyr	Val	His	Asp	Ala	Tyr	Gly	Leu	Phe	Gln	Glu	Cys	Ser	Ser
			260					265					270		
Arg	Val	Ala	Ser	Trp	Gly	Trp	Pro	Leu	Thr	Pro	Thr	Pro	Leu	Asp	Pro
		275					280					285			
His	Glu	Pro	Glu	Arg	Pro	Phe	Phe	Glu	Gly	His	Phe	Leu	Arg	Val	Leu
	290					295					300				
Phe	Asp	Arg	Met	Ser	Arg	Ile	Leu	Asp	Gln	Pro	Tyr	Ser	Leu	Asn	Leu
305					310					315					320
Gln	Val	Thr	Ser	Val	Leu	Ser	Arg	Leu	Ala	Leu	Phe	Pro	His	Pro	His
				325					330					335	
Ile	His	Glu	Tyr	Leu	Leu	Asp	Pro	Tyr	Ile	Ser	Leu	Ala	Pro	Gly	Cys
			340					345					350		
Arg	Ser	Leu	Phe	Ser	Val	Leu	Val	Arg	Val	Ile	Gly	Asp	Leu	Met	Gln
		355					360					365			
Arg	Ile	Gln	Arg	Val	Pro	Gln	Phe	Pro	Gly	Lys	Leu	Leu	Leu	Val	Arg
	370					375					380				
Lys	Gln	Leu	Thr	Gly	Gln	Ala	Pro	Gly	Glu	Gln	Leu	Asp	His	Gln	Thr
385					390					395					400

Leu Leu Gln Gly Val Val Val Leu Glu Glu Phe Cys Lys Glu Leu Ala
405 410 415

Ala Ile Ala Phe Val Lys Phe Pro Pro His Asp Pro Arg Gln Asn Val
420 425 430

Ser Pro Ala Pro Glu Gly Gln Val
435 440

<210> 53
<211> 1175
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (68)..(895)
<223>

<400> 53
cccggtcggc gcggctgccg cgccgccgct gcaggatagc tagcggccag gagaaataca 60

gtggaaa atg caa aac aac gaa att ata aag cct gcc aaa tac ttc tca 109
Met Gln Asn Asn Glu Ile Ile Lys Pro Ala Lys Tyr Phe Ser
1 5 10

gaa ttg gaa aag agc atc ctg ctg gct tta gta gaa aag tat aaa tat 157
Glu Leu Glu Lys Ser Ile Leu Leu Ala Leu Val Glu Lys Tyr Lys Tyr
15 20 25 30

gtg ctg gaa tgt aag aaa agt gat gcg cga act att gcc ctt aag cag 205
Val Leu Glu Cys Lys Lys Ser Asp Ala Arg Thr Ile Ala Leu Lys Gln
35 40 45

cgt acc tgg cag gcg ctg gcc cac gaa tac aac tct cag ccc agc gtg 253
Arg Thr Trp Gln Ala Leu Ala His Glu Tyr Asn Ser Gln Pro Ser Val
50 55 60

tcc ctg cgg gat ttc aaa cag ctg aag aag tgc tgg gag aac atc aag 301
Ser Leu Arg Asp Phe Lys Gln Leu Lys Lys Cys Trp Glu Asn Ile Lys
65 70 75

gct cgg acc aaa aaa att atg gcc cat gaa agg aga gag aaa gtg aaa 349
Ala Arg Thr Lys Lys Ile Met Ala His Glu Arg Arg Glu Lys Val Lys
80 85 90

cgg agc gtc agc cct ctc ctg agt acc cac gtc cta ggg aag gag aag 397

Arg Ser Val Ser Pro Leu Leu Ser Thr His Val Leu Gly Lys Glu Lys
95 100 105 110

ctgcacccctc tgtacccctt aagtggcaaa gaagctgtta tagtcttctg aaaattatca 1105

ctatgagtgc tataattctg aatataatgt ctcttaatta gaattcatag aagaaaaaaa 1165

aaaaaaaaaaaa 1175

<210> 54

<211> 275

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 54

Met Gln Asn Asn Glu Ile Ile Lys Pro Ala Lys Tyr Phe Ser Glu Leu
1 5 10 15

Glu Lys Ser Ile Leu Leu Ala Leu Val Glu Lys Tyr Lys Tyr Val Leu
20 25 30

Glu Cys Lys Lys Ser Asp Ala Arg Thr Ile Ala Leu Lys Gln Arg Thr
35 40 45

Trp Gln Ala Leu Ala His Glu Tyr Asn Ser Gln Pro Ser Val Ser Leu
50 55 60

Arg Asp Phe Lys Gln Leu Lys Lys Cys Trp Glu Asn Ile Lys Ala Arg
65 70 75 80

Thr Lys Lys Ile Met Ala His Glu Arg Arg Glu Lys Val Lys Arg Ser
85 90 95

Val Ser Pro Leu Leu Ser Thr His Val Leu Gly Lys Glu Lys Ile Ala
100 105 110

Ser Met Leu Pro Glu Gln Leu Tyr Phe Leu Gln Ser Pro Pro Glu Glu
115 120 125

Glu Pro Glu Tyr His Pro Asp Ala Ser Ala Gln Glu Ser Phe Ala Val
130 135 140

Ser Asn Arg Glu Leu Cys Asp Asp Glu Lys Glu Phe Ile His Phe Pro
145 150 155 160

Val Cys Glu Gly Thr Ser Gln Pro Glu Pro Ser Cys Ser Ala Val Arg
165 170 175

Ile Thr Ala Asn Lys Asn Tyr Arg Ser Lys Thr Ser Gln Glu Gly Ala
180 185 190

Leu Lys Lys Met His Glu Glu Glu His His Gln Gln Met Ser Ile Leu
195 200 205

Gln Leu Gln Leu Ile Gln Met Asn Glu Val His Val Ala Lys Ile Gln
210 215 220

Gln Ile Glu Arg Glu Cys Glu Met Ala Glu Glu Glu His Arg Ile Lys
225 230 235 240

Met Glu Val Leu Asn Lys Lys Lys Met Tyr Trp Glu Arg Lys Leu Gln
245 250 255

Thr Phe Thr Lys Glu Trp Pro Val Ser Ser Phe Asn Arg Pro Phe Pro
260 265 270

Asn Ser Pro
275

<210> 55
<211> 1988
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (12)..(1805)
<223>

<400> 55
cctccggggaa g atg gcg gcc gtg cag gcg gcc gag gtg aaa gtg gat ggc 50
Met Ala Ala Val Gln Ala Ala Glu Val Lys Val Asp Gly

1				5				10									
agc	gag	ccg	aaa	ctg	agc	aag	aat	gag	ctg	aag	aga	cgc	ctg	aaa	gct	98	
Ser	Glu	Pro	Lys	Leu	Ser	Lys	Asn	Glu	Leu	Lys	Arg	Arg	Leu	Lys	Ala		
15				20				25									
gag	aag	aaa	gta	gca	gag	aag	gag	gcc	aaa	cag	aag	gag	ctc	agt	gag	146	
Glu	Lys	Lys	Val	Ala	Glu	Lys	Glu	Ala	Lys	Gln	Lys	Glu	Leu	Ser	Glu		
30				35				40								45	
aaa	cag	cta	agc	caa	gcc	act	gct	gct	gcc	acc	aac	cac	acc	act	gat	194	
Lys	Gln	Leu	Ser	Gln	Ala	Thr	Ala	Ala	Ala	Thr	Asn	His	Thr	Thr	Asp		
50				55				60									
aat	ggt	gtg	ggt	cct	gag	gaa	gag	agc	gtg	gac	cca	aat	caa	tac	tac	242	
Asn	Gly	Val	Gly	Pro	Glu	Glu	Glu	Ser	Val	Asp	Pro	Asn	Gln	Tyr	Tyr		
65				70				75									
aaa	atc	cgc	agt	caa	gca	att	cat	cag	ctg	aag	gtc	aat	ggg	gaa	gac	290	
Lys	Ile	Arg	Ser	Gln	Ala	Ile	His	Gln	Leu	Lys	Val	Asn	Gly	Glu	Asp		
80				85				90									
cca	tac	cca	cac	aag	ttc	cat	gta	gac	atc	tca	ctc	act	gac	ttc	atc	338	
Pro	Tyr	Pro	His	Lys	Phe	His	Val	Asp	Ile	Ser	Leu	Thr	Asp	Phe	Ile		
95				100				105									
caa	aaa	tat	agt	cac	ctg	cag	cct	ggg	gat	cac	ctg	act	gac	atc	acc	386	
Gln	Lys	Tyr	Ser	His	Leu	Gln	Pro	Gly	Asp	His	Leu	Thr	Asp	Ile	Thr		
110				115				120								125	
tta	aag	gtg	gca	ggt	agg	atc	cat	gcc	aaa	aga	gct	tct	ggg	gga	aag	434	
Leu	Lys	Val	Ala	Gly	Arg	Ile	His	Ala	Lys	Arg	Ala	Ser	Gly	Gly	Lys		
130				135				140									
ctc	atc	ttc	tat	gat	ctt	cga	gga	gag	ggg	gtg	aag	ttg	caa	gtc	atg	482	
Leu	Ile	Phe	Tyr	Asp	Leu	Arg	Gly	Glu	Gly	Val	Lys	Leu	Gln	Val	Met		
145				150				155									
gcc	aat	tcc	aga	aat	tat	aaa	tca	gaa	gaa	gaa	ttt	att	cat	att	aat	530	
Ala	Asn	Ser	Arg	Asn	Tyr	Lys	Ser	Glu	Glu	Glu	Phe	Ile	His	Ile	Asn		
160				165				170									
aac	aaa	ctg	cgt	cgg	gga	gac	ata	att	gga	gtt	cag	ggg	aat	cct	ggt	578	
Asn	Lys	Leu	Arg	Arg	Gly	Asp	Ile	Ile	Gly	Val	Gln	Gly	Asn	Pro	Gly		
175				180				185									
aaa	acc	aag	aag	ggt	gag	ctg	agc	atc	att	ccg	tat	gag	atc	aca	ctg	626	
Lys	Thr	Lys	Lys	Gly	Glu	Leu	Ser	Ile	Ile	Pro	Tyr	Glu	Ile	Thr	Leu		
190				195				200								205	

ctg	tct	ccc	tgt	ttg	cat	atg	tta	cct	cat	ctt	cac	ttt	ggc	ctc	aaa	674
Leu	Ser	Pro	Cys	Leu	His	Met	Leu	Pro	His	Leu	His	Phe	Gly	Leu	Lys	
				210					215					220		
gac	aag	gaa	aca	agg	tat	cgc	cag	aga	tac	ttg	gac	ttg	atc	ctg	aat	722
Asp	Lys	Glu	Thr	Arg	Tyr	Arg	Gln	Arg	Tyr	Leu	Asp	Leu	Ile	Leu	Asn	
			225					230					235			
gac	ttt	gtg	agg	cag	aaa	ttt	atc	atc	cgc	tct	aag	atc	atc	aca	tat	770
Asp	Phe	Val	Arg	Gln	Lys	Phe	Ile	Ile	Arg	Ser	Lys	Ile	Ile	Thr	Tyr	
		240					245					250				
ata	aga	agt	ttc	tta	gat	gag	ctg	gga	ttc	cta	gag	att	gaa	act	ccc	818
Ile	Arg	Ser	Phe	Leu	Asp	Glu	Leu	Gly	Phe	Leu	Glu	Ile	Glu	Thr	Pro	
	255					260					265					
atg	atg	aac	atc	atc	cca	ggg	gga	gcc	gtg	gcc	aag	cct	ttc	atc	act	866
Met	Met	Asn	Ile	Ile	Pro	Gly	Gly	Ala	Val	Ala	Lys	Pro	Phe	Ile	Thr	
270					275					280					285	
tat	cac	aac	gag	ctg	gac	atg	aac	tta	tat	atg	aga	att	gct	cca	gaa	914
Tyr	His	Asn	Glu	Leu	Asp	Met	Asn	Leu	Tyr	Met	Arg	Ile	Ala	Pro	Glu	
			290						295					300		
ctc	tat	cat	aag	atg	ctt	gtg	gtt	ggc	ggc	atc	gac	cgg	gtt	tat	gaa	962
Leu	Tyr	His	Lys	Met	Leu	Val	Val	Gly	Gly	Ile	Asp	Arg	Val	Tyr	Glu	
			305					310					315			
att	gga	cgc	cag	ttc	cgg	aat	gag	ggg	att	gat	ttg	acg	cac	aat	cct	1010
Ile	Gly	Arg	Gln	Phe	Arg	Asn	Glu	Gly	Ile	Asp	Leu	Thr	His	Asn	Pro	
		320					325					330				
gag	ttc	acc	acc	tgt	gag	ttc	tac	atg	gcc	tat	gca	gac	tat	cac	gat	1058
Glu	Phe	Thr	Thr	Cys	Glu	Phe	Tyr	Met	Ala	Tyr	Ala	Asp	Tyr	His	Asp	
	335					340				345						
ctc	atg	gaa	atc	acg	gag	aag	atg	gtt	tca	ggg	atg	gtg	aag	cat	att	1106
Leu	Met	Glu	Ile	Thr	Glu	Lys	Met	Val	Ser	Gly	Met	Val	Lys	His	Ile	
350					355					360					365	
aca	ggc	agt	tac	aag	gtc	acc	tac	cac	cca	gat	ggc	cca	gag	ggc	caa	1154
Thr	Gly	Ser	Tyr	Lys	Val	Thr	Tyr	His	Pro	Asp	Gly	Pro	Glu	Gly	Gln	
			370						375				380			
gcc	tac	gat	gtt	gac	ttc	acc	cca	ccc	ttc	cgg	cga	atc	aac	atg	gta	1202
Ala	Tyr	Asp	Val	Asp	Phe	Thr	Pro	Pro	Phe	Arg	Arg	Ile	Asn	Met	Val	
			385				390						395			
gaa	gag	ctt	gag	aaa	gcc	ctg	ggg	atg	aag	ctg	cca	gaa	acg	aac	ctc	1250
Glu	Glu	Leu	Glu	Lys	Ala	Leu	Gly	Met	Lys	Leu	Pro	Glu	Thr	Asn	Leu	

400						405						410						
ttt	gaa	act	gaa	gaa	act	cgc	aaa	att	ctt	gat	gat	atc	tgt	gtg	gca	1298		
Phe	Glu	Thr	Glu	Glu	Thr	Arg	Lys	Ile	Leu	Asp	Asp	Ile	Cys	Val	Ala			
415						420			425									
aaa	gct	gtt	gaa	tgc	cct	cca	cct	cgg	acc	aca	gcc	agg	ctc	ctt	gac	1346		
Lys	Ala	Val	Glu	Cys	Pro	Pro	Pro	Arg	Thr	Thr	Ala	Arg	Leu	Leu	Asp			
430				435			440			445								
aag	ctt	gtt	ggg	gag	ttc	ctg	gaa	gtg	act	tgc	atc	aat	cct	aca	ttc	1394		
Lys	Leu	Val	Gly	Glu	Phe	Leu	Glu	Val	Thr	Cys	Ile	Asn	Pro	Thr	Phe			
			450			455			460									
atc	tgt	gat	cac	cca	cag	ata	atg	agc	cct	ttg	gct	aaa	tgg	cac	cgc	1442		
Ile	Cys	Asp	His	Pro	Gln	Ile	Met	Ser	Pro	Leu	Ala	Lys	Trp	His	Arg			
			465			470			475									
tct	aaa	gag	ggg	ctg	act	gag	cgc	ttt	gag	ctg	ttt	gtc	atg	aag	aaa	1490		
Ser	Lys	Glu	Gly	Leu	Thr	Glu	Arg	Phe	Glu	Leu	Phe	Val	Met	Lys	Lys			
480						485			490									
gag	ata	tgc	aat	gcg	tat	act	gag	ctg	aat	gat	ccc	atg	cgg	cag	cgg	1538		
Glu	Ile	Cys	Asn	Ala	Tyr	Thr	Glu	Leu	Asn	Asp	Pro	Met	Arg	Gln	Arg			
495						500			505									
cag	ctt	ttt	gaa	gaa	cag	gcc	aag	gcc	aag	gct	gca	ggg	gat	gat	gag	1586		
Gln	Leu	Phe	Glu	Glu	Gln	Ala	Lys	Ala	Lys	Ala	Ala	Gly	Asp	Asp	Glu			
510				515			520			525								
gcc	atg	ttc	ata	gat	gaa	aac	ttc	tgt	act	gcc	ctg	gaa	tat	ggg	ctg	1634		
Ala	Met	Phe	Ile	Asp	Glu	Asn	Phe	Cys	Thr	Ala	Leu	Glu	Tyr	Gly	Leu			
			530			535			540									
ccc	ccc	aca	gct	ggc	tgg	ggc	atg	ggc	att	gat	cga	gtc	gcc	atg	ttt	1682		
Pro	Pro	Thr	Ala	Gly	Trp	Gly	Met	Gly	Ile	Asp	Arg	Val	Ala	Met	Phe			
			545			550			555									
ctc	acg	gac	tcc	aac	aac	atc	aag	gaa	gta	ctt	ctg	ttt	cct	gcc	atg	1730		
Leu	Thr	Asp	Ser	Asn	Asn	Ile	Lys	Glu	Val	Leu	Leu	Phe	Pro	Ala	Met			
560						565			570									
aaa	ccc	gaa	gac	aag	aag	gag	aat	gta	gca	acc	act	gat	aca	ctg	gaa	1778		
Lys	Pro	Glu	Asp	Lys	Lys	Glu	Asn	Val	Ala	Thr	Thr	Asp	Thr	Leu	Glu			
575						580			585									
agc	aca	aca	gtt	ggc	act	tct	gtc	tag	aaaataataa	ttgcaagttg						1825		
Ser	Thr	Thr	Val	Gly	Thr	Ser	Val											
590				595														

tataactcag gcgctctttgc atttctgcga aagatcaagg tctgcaaggg aattcttgtg 1885

tgctgctttc catttgacac cgcagttctg ttcagccatc agaagagaga caaggaatta 1945

aaaattttctt tttaatcctg ttaccaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1988

<210> 56

<211> 597

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 56

Met Ala Ala Val Gln Ala Ala Glu Val Lys Val Asp Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Lys Leu Ser Lys Asn Glu Leu Lys Arg Arg Leu Lys Ala Glu Lys Lys
20 25 30

Val Ala Glu Lys Glu Ala Lys Gln Lys Glu Leu Ser Glu Lys Gln Leu
35 40 45

Ser Gln Ala Thr Ala Ala Ala Thr Asn His Thr Thr Asp Asn Gly Val
50 55 60

Gly Pro Glu Glu Glu Ser Val Asp Pro Asn Gln Tyr Tyr Lys Ile Arg
65 70 75 80

Ser Gln Ala Ile His Gln Leu Lys Val Asn Gly Glu Asp Pro Tyr Pro
85 90 95

His Lys Phe His Val Asp Ile Ser Leu Thr Asp Phe Ile Gln Lys Tyr
100 105 110

Ser His Leu Gln Pro Gly Asp His Leu Thr Asp Ile Thr Leu Lys Val
115 120 125

Ala Gly Arg Ile His Ala Lys Arg Ala Ser Gly Gly Lys Leu Ile Phe
130 135 140

Tyr	Asp	Leu	Arg	Gly	Glu	Gly	Val	Lys	Leu	Gln	Val	Met	Ala	Asn	Ser
145					150					155					160
Arg	Asn	Tyr	Lys	Ser	Glu	Glu	Glu	Phe	Ile	His	Ile	Asn	Asn	Lys	Leu
				165					170					175	
Arg	Arg	Gly	Asp	Ile	Ile	Gly	Val	Gln	Gly	Asn	Pro	Gly	Lys	Thr	Lys
			180					185					190		
Lys	Gly	Glu	Leu	Ser	Ile	Ile	Pro	Tyr	Glu	Ile	Thr	Leu	Leu	Ser	Pro
		195					200					205			
Cys	Leu	His	Met	Leu	Pro	His	Leu	His	Phe	Gly	Leu	Lys	Asp	Lys	Glu
	210					215					220				
Thr	Arg	Tyr	Arg	Gln	Arg	Tyr	Leu	Asp	Leu	Ile	Leu	Asn	Asp	Phe	Val
225					230					235					240
Arg	Gln	Lys	Phe	Ile	Ile	Arg	Ser	Lys	Ile	Ile	Thr	Tyr	Ile	Arg	Ser
				245					250					255	
Phe	Leu	Asp	Glu	Leu	Gly	Phe	Leu	Glu	Ile	Glu	Thr	Pro	Met	Met	Asn
			260					265					270		
Ile	Ile	Pro	Gly	Gly	Ala	Val	Ala	Lys	Pro	Phe	Ile	Thr	Tyr	His	Asn
		275					280					285			
Glu	Leu	Asp	Met	Asn	Leu	Tyr	Met	Arg	Ile	Ala	Pro	Glu	Leu	Tyr	His
	290					295					300				
Lys	Met	Leu	Val	Val	Gly	Gly	Ile	Asp	Arg	Val	Tyr	Glu	Ile	Gly	Arg
305					310					315					320
Gln	Phe	Arg	Asn	Glu	Gly	Ile	Asp	Leu	Thr	His	Asn	Pro	Glu	Phe	Thr
				325					330					335	
Thr	Cys	Glu	Phe	Tyr	Met	Ala	Tyr	Ala	Asp	Tyr	His	Asp	Leu	Met	Glu
			340					345					350		

I l e	T h r	G l u	L y s	M e t	V a l	S e r	G l y	M e t	V a l	L y s	H i s	I l e	T h r	G l y	S e r
		3 5 5					3 6 0					3 6 5			
T y r	L y s	V a l	T h r	T y r	H i s	P r o	A s p	G l y	P r o	G l u	G l y	G l n	A l a	T y r	A s p
	3 7 0					3 7 5				3 8 0					
V a l	A s p	P h e	T h r	P r o	P r o	P h e	A r g	A r g	I l e	A s n	M e t	V a l	G l u	G l u	L e u
3 8 5					3 9 0					3 9 5					4 0 0
G l u	L y s	A l a	L e u	G l y	M e t	L y s	L e u	P r o	G l u	T h r	A s n	L e u	P h e	G l u	T h r
				4 0 5					4 1 0					4 1 5	
G l u	G l u	T h r	A r g	L y s	I l e	L e u	A s p	A s p	I l e	C y s	V a l	A l a	L y s	A l a	V a l
			4 2 0					4 2 5					4 3 0		
G l u	C y s	P r o	P r o	P r o	A r g	T h r	T h r	A l a	A r g	L e u	L e u	A s p	L y s	L e u	V a l
		4 3 5					4 4 0					4 4 5			
G l y	G l u	P h e	L e u	G l u	V a l	T h r	C y s	I l e	A s n	P r o	T h r	P h e	I l e	C y s	A s p
	4 5 0					4 5 5				4 6 0					
H i s	P r o	G l n	I l e	M e t	S e r	P r o	L e u	A l a	L y s	T r p	H i s	A r g	S e r	L y s	G l u
4 6 5					4 7 0					4 7 5					4 8 0
G l y	L e u	T h r	G l u	A r g	P h e	G l u	L e u	P h e	V a l	M e t	L y s	L y s	G l u	I l e	C y s
				4 8 5					4 9 0					4 9 5	
A s n	A l a	T y r	T h r	G l u	L e u	A s n	A s p	P r o	M e t	A r g	G l n	A r g	G l n	L e u	P h e
			5 0 0					5 0 5					5 1 0		
G l u	G l u	G l n	A l a	L y s	A l a	L y s	A l a	A l a	G l y	A s p	A s p	G l u	A l a	M e t	P h e
		5 1 5					5 2 0					5 2 5			
I l e	A s p	G l u	A s n	P h e	C y s	T h r	A l a	L e u	G l u	T y r	G l y	L e u	P r o	P r o	T h r
	5 3 0					5 3 5					5 4 0				

Ala Gly Trp Gly Met Gly Ile Asp Arg Val Ala Met Phe Leu Thr Asp
545 550 555 560

Ser Asn Asn Ile Lys Glu Val Leu Leu Phe Pro Ala Met Lys Pro Glu
565 570 575

Asp Lys Lys Glu Asn Val Ala Thr Thr Asp Thr Leu Glu Ser Thr Thr
580 585 590

Val Gly Thr Ser Val
595

<210> 57
<211> 763
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 57
ggggc taaac ctagccccc aa acccactcca ccttactacc agacaacctt agccaaacca 60

tttacc caaa taaagtatag gcgatagaaa ttgaaacctg gcgc aataga tatagtaccg 120

caagg gaaag atgaaaaatt ataaccaagc ataatatagc aaggactaac ccctatacct 180

tctgc ata at gaattaa cta gaaataactt tgcaaggaga gccaaagcta agacccccga 240

aaccagacga gctacct aag aacagctaaa agagcacacc cgtctatgta gcaaaatagt 300

gggaagattt ataggtagag gcgacaaacc taccgagcct ggtgatagct ggttgtccaa 360

gatagaatct tagttcaact ttaaaatttgc ccacagaacc ctctaaatcc ccttgtaaat 420

ttaactgtta gtccaaagag gaacagctct ttggacacta ggaaaaaacc ttgtagagag 480

agtaaaaaat ttaacaccca tagtaggcct aaaagcagcc accaat taag aaagcgttca 540

agctcaacac ccactacct aaaaaatccca aacatatataac tgaactcctc acacccaatt 600

ggaccaatct atcaccctat agaagaacta atgttagtat aagtaacatg aaaacattct 660

cctccgcata agcctgcgtc agattaaaac actgaactga caattaacag cccaatatct 720

acaatcaacc cacaagtc at tattaccctc actgtcaacc caa 763

<210> 58

<211> 1575
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (196)..(834)
<223>

<400> 58
ctctttcccgg ctccagctcc gccgccagct ccagcctttg ctccccctcc caaagtcccc 60

tccccggagc ggagcgcacc tagggtcctt ctcccgctccc ccagccccag ctaccctgtt 120

agaccagcag cctcggggggg ccccccccg ccagcctgcc tccctcccgc tcagccctgc 180

cagggttccc cagcc atg aat ctc ttc cga ttc ctg gga gac ctc tcc cac 231
Met Asn Leu Phe Arg Phe Leu Gly Asp Leu Ser His
1 5 10

ctc ctc gcc atc atc ttg cta ctg ctc aaa atc tgg aag tcc cgc tcg 279
Leu Leu Ala Ile Ile Leu Leu Leu Leu Lys Ile Trp Lys Ser Arg Ser
15 20 25

tgc gcc gga att tca ggg aag agc cag gtc ctg ttt gct gtg gtg ttc 327
Cys Ala Gly Ile Ser Gly Lys Ser Gln Val Leu Phe Ala Val Val Phe
30 35 40

act gcc cga tat ctg gac ctc ttc acc aac tac atc tca ctc tac aac 375
Thr Ala Arg Tyr Leu Asp Leu Phe Thr Asn Tyr Ile Ser Leu Tyr Asn
45 50 55 60

acg tgt atg aag gtg gtc tac ata gcc tgc tcc ttc acc acg gtc tgg 423
Thr Cys Met Lys Val Val Tyr Ile Ala Cys Ser Phe Thr Thr Val Trp
65 70 75

ttg att tat agc aag ttc aaa gct act tac gat ggg aac cat gac acg 471
Leu Ile Tyr Ser Lys Phe Lys Ala Thr Tyr Asp Gly Asn His Asp Thr
80 85 90

ttc aga gtg gag ttc ctg gtc gtt ccc aca gcc att ctg gcg ttc ctg 519
Phe Arg Val Glu Phe Leu Val Val Pro Thr Ala Ile Leu Ala Phe Leu
95 100 105

gtc aat cat gac ttc acc cct ctg gag atc ctc tgg acc ttc tcc atc 567
Val Asn His Asp Phe Thr Pro Leu Glu Ile Leu Trp Thr Phe Ser Ile
110 115 120

tac ctg gag tca gtg gcc atc ttg ccg cag ctg ttc atg gtg agc aag 615
Tyr Leu Glu Ser Val Ala Ile Leu Pro Gln Leu Phe Met Val Ser Lys

125		130		135		140	
acc ggc gag gcg gag acc atc acc agc cac tac ttg ttt gcg cta ggc	663						
Thr Gly Glu Ala Glu Thr Ile Thr Ser His Tyr Leu Phe Ala Leu Gly							
		145		150		155	
gtt tac cgc acg ctc tat ctc ttc aac tgg atc tgg cgc tac cat ttc	711						
Val Tyr Arg Thr Leu Tyr Leu Phe Asn Trp Ile Trp Arg Tyr His Phe							
		160		165		170	
gag ggc ttc ttc gac ctc atc gcc att gtg gca ggc ctg gtc cag aca	759						
Glu Gly Phe Phe Asp Leu Ile Ala Ile Val Ala Gly Leu Val Gln Thr							
		175		180		185	
gtc ctc tac tgc gat ttc ttc tac ctc tat atc acc aaa gtc cta aag	807						
Val Leu Tyr Cys Asp Phe Phe Tyr Leu Tyr Ile Thr Lys Val Leu Lys							
		190		195		200	
ggg aag aag ttg agt ttg ccg gca tag ccccggtcct ctccatctct	854						
Gly Lys Lys Leu Ser Leu Pro Ala							
205		210					
ctcctcggca gcagcgggag gcagagggaag gcggcagaag atgaagagct ttcccatcca	914						
ggggtgactt ttttaagaac ccacctcttg tgctcccat cccgcctcct gccgggtttc	974						
agggggacag tggaggatcc aggtcttggg gagctcagga cttgggctgt ttgtagtttt	1034						
ttgcctttta gacaagaaaa aaaaatcttt ccactcttta gtttttgatt ctgatgactc	1094						
gtttttcttc tactctgtgg ccccaatttt tataaagtgt ttttgagtgt cctatgggcc	1154						
ggggcagggt ccaagatctt ttcccttccc caggccccctc ggctccctcc cagatcccac	1214						
ccccagcccc actggttgcc aaacactaaa tctgccgaca cccatctgcc ccacctcctg	1274						
ccatggccat gaaccgcgac ccccaactaaa tttctagatt ggggatatagg agaaaaggag	1334						
gcccaggaag gtctccccctg atttttttttc atagtaattt ttttccccag agtttgaatt	1394						
ttttggtctt ctectggttt tttggcaaat tagggggggcc cgggggtcaa gtgcgggaag	1454						
ggggctggcc cgaggatccc atggctctca caccatgttt ttgtacagaa ctgatggttg	1514						
aatctttgtt ctcttgaaat aaacagaaga aaatgaaacc tttaaaaaaaaa aaaaaaaaaa	1574						
a	1575						

<211> 212
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 59

Met Asn Leu Phe Arg Phe Leu Gly Asp Leu Ser His Leu Leu Ala Ile
1 5 10 15

Ile Leu Leu Leu Leu Lys Ile Trp Lys Ser Arg Ser Cys Ala Gly Ile
20 25 30

Ser Gly Lys Ser Gln Val Leu Phe Ala Val Val Phe Thr Ala Arg Tyr
35 40 45

Leu Asp Leu Phe Thr Asn Tyr Ile Ser Leu Tyr Asn Thr Cys Met Lys
50 55 60

Val Val Tyr Ile Ala Cys Ser Phe Thr Thr Val Trp Leu Ile Tyr Ser
65 70 75 80

Lys Phe Lys Ala Thr Tyr Asp Gly Asn His Asp Thr Phe Arg Val Glu
85 90 95

Phe Leu Val Val Pro Thr Ala Ile Leu Ala Phe Leu Val Asn His Asp
100 105 110

Phe Thr Pro Leu Glu Ile Leu Trp Thr Phe Ser Ile Tyr Leu Glu Ser
115 120 125

Val Ala Ile Leu Pro Gln Leu Phe Met Val Ser Lys Thr Gly Glu Ala
130 135 140

Glu Thr Ile Thr Ser His Tyr Leu Phe Ala Leu Gly Val Tyr Arg Thr
145 150 155 160

Leu Tyr Leu Phe Asn Trp Ile Trp Arg Tyr His Phe Glu Gly Phe Phe
165 170 175

Asp Leu Ile Ala Ile Val Ala Gly Leu Val Gln Thr Val Leu Tyr Cys
180 185 190

Asp Phe Phe Tyr Leu Tyr Ile Thr Lys Val Leu Lys Gly Lys Lys Leu
195 200 205

Ser Leu Pro Ala
210

<210> 60
<211> 2245
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (157)..(1110)
<223>

<400> 60
gaatctcgac ccttgaatgg agttacacga acggccagat gaaagaagga aggcccggaac 60

ctccactcag ggccgactag gggactggcg gaggggtgcac gctgatggat ttactcaccg 120

ggtgcttgga gctccagcag ctggctggag cccgcg atg acg tca cgg act cgg 174
Met Thr Ser Arg Thr Arg
1 5

gtc aca tgg ccg agt ccg ccc cgc ccc ctc ccc gtc ccc gcc gct gca 222
Val Thr Trp Pro Ser Pro Pro Arg Pro Leu Pro Val Pro Ala Ala Ala
10 15 20

gcc gtc gcc ttc gga gcg aag ggt acc gac ccg gca gaa gct cgg agc 270
Ala Val Ala Phe Gly Ala Lys Gly Thr Asp Pro Ala Glu Ala Arg Ser
25 30 35

tct cgg ggt atc gag gag gca ggc ccg cgg gcg cac ggg cga gcg ggc 318
Ser Arg Gly Ile Glu Glu Ala Gly Pro Arg Ala His Gly Arg Ala Gly
40 45 50

cgg gag ccg gag cgg cgg agg agc ccg cag cag ccg cgc ggc ggg ctc 366
Arg Glu Pro Glu Arg Arg Arg Ser Arg Gln Gln Arg Arg Gly Gly Leu
55 60 65 70

cag gcg agg cgg tcg acg ctc ctg aaa act tgc gcg cgc gct cgc gcc 414
Gln Ala Arg Arg Ser Thr Leu Leu Lys Thr Cys Ala Arg Ala Arg Ala
75 80 85

act	gcg	ccc	gga	gcg	atg	aag	atg	gtc	gcg	ccc	tgg	acg	cgg	ttc	tac	462
Thr	Ala	Pro	Gly	Ala	Met	Lys	Met	Val	Ala	Pro	Trp	Thr	Arg	Phe	Tyr	
			90					95					100			
tcc	aac	agc	tgc	tgc	ttg	tgc	tgc	cat	gtc	cgc	acc	ggc	acc	atc	ctg	510
Ser	Asn	Ser	Cys	Cys	Leu	Cys	Cys	His	Val	Arg	Thr	Gly	Thr	Ile	Leu	
		105					110					115				
ctc	ggc	gtc	tgg	tat	ctg	atc	atc	aat	gct	gtg	gta	ctg	ttg	att	tta	558
Leu	Gly	Val	Trp	Tyr	Leu	Ile	Ile	Asn	Ala	Val	Val	Leu	Leu	Ile	Leu	
	120					125					130					
ttg	agt	gcc	ctg	gct	gat	ccg	gat	cag	tat	aac	ttt	tca	agt	tct	gaa	606
Leu	Ser	Ala	Leu	Ala	Asp	Pro	Asp	Gln	Tyr	Asn	Phe	Ser	Ser	Ser	Glu	
135					140					145					150	
ctg	gga	ggt	gac	ttt	gag	ttc	atg	gat	gat	gcc	aac	atg	tgc	att	gcc	654
Leu	Gly	Gly	Asp	Phe	Glu	Phe	Met	Asp	Asp	Ala	Asn	Met	Cys	Ile	Ala	
			155					160						165		
att	gcg	att	tct	ctt	ctc	atg	atc	ctg	ata	tgt	gct	atg	gct	act	tac	702
Ile	Ala	Ile	Ser	Leu	Leu	Met	Ile	Leu	Ile	Cys	Ala	Met	Ala	Thr	Tyr	
			170					175					180			
gga	gcg	tac	aag	caa	cgc	gca	gcc	tgg	atc	atc	cca	ttc	ttc	tgt	tac	750
Gly	Ala	Tyr	Lys	Gln	Arg	Ala	Ala	Trp	Ile	Ile	Pro	Phe	Phe	Cys	Tyr	
		185					190					195				
cag	atc	ttt	gac	ttt	gcc	ctg	aac	atg	ttg	gtt	gca	atc	act	gtg	ctt	798
Gln	Ile	Phe	Asp	Phe	Ala	Leu	Asn	Met	Leu	Val	Ala	Ile	Thr	Val	Leu	
	200					205					210					
att	tat	cca	aac	tcc	att	cag	gaa	tac	ata	cgg	caa	ctg	cct	cct	aat	846
Ile	Tyr	Pro	Asn	Ser	Ile	Gln	Glu	Tyr	Ile	Arg	Gln	Leu	Pro	Pro	Asn	
215					220					225					230	
ttt	ccc	tac	aga	gat	gat	gtc	atg	tca	gtg	aat	cct	acc	tgt	ttg	gtc	894
Phe	Pro	Tyr	Arg	Asp	Asp	Val	Met	Ser	Val	Asn	Pro	Thr	Cys	Leu	Val	
				235				240						245		
ctt	att	att	ctt	ctg	ttt	att	agc	att	atc	ttg	act	ttt	aag	ggt	tac	942
Leu	Ile	Ile	Leu	Leu	Phe	Ile	Ser	Ile	Ile	Leu	Thr	Phe	Lys	Gly	Tyr	
			250					255					260			
ttg	att	agc	tgt	gtt	tgg	aac	tgc	tac	cga	tac	atc	aat	ggt	agg	aac	990
Leu	Ile	Ser	Cys	Val	Trp	Asn	Cys	Tyr	Arg	Tyr	Ile	Asn	Gly	Arg	Asn	
		265					270					275				
tcc	tct	gat	gtc	ctg	gtt	tat	gtt	acc	agc	aat	gac	act	acg	gtg	ctg	1038

[illegible]

<210> 61
<211> 317
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 61

Met Thr Ser Arg Thr Arg Val Thr Trp Pro Ser Pro Pro Arg Pro Leu
1 5 10 15

Pro Val Pro Ala Ala Ala Ala Val Ala Phe Gly Ala Lys Gly Thr Asp
20 25 30

Pro Ala Glu Ala Arg Ser Ser Arg Gly Ile Glu Glu Ala Gly Pro Arg
35 40 45

Ala His Gly Arg Ala Gly Arg Glu Pro Glu Arg Arg Arg Ser Arg Gln
50 55 60

Gln Arg Arg Gly Gly Leu Gln Ala Arg Arg Ser Thr Leu Leu Lys Thr
65 70 75 80

Cys Ala Arg Ala Arg Ala Thr Ala Pro Gly Ala Met Lys Met Val Ala
85 90 95

Pro Trp Thr Arg Phe Tyr Ser Asn Ser Cys Cys Leu Cys Cys His Val
100 105 110

Arg Thr Gly Thr Ile Leu Leu Gly Val Trp Tyr Leu Ile Ile Asn Ala
115 120 125

Val Val Leu Leu Ile Leu Leu Ser Ala Leu Ala Asp Pro Asp Gln Tyr
130 135 140

Asn Phe Ser Ser Ser Glu Leu Gly Gly Asp Phe Glu Phe Met Asp Asp
145 150 155 160

Ala Asn Met Cys Ile Ala Ile Ala Ile Ser Leu Leu Met Ile Leu Ile
165 170 175

Cys Ala Met Ala Thr Tyr Gly Ala Tyr Lys Gln Arg Ala Ala Trp Ile
180 185 190

Ile Pro Phe Phe Cys Tyr Gln Ile Phe Asp Phe Ala Leu Asn Met Leu
195 200 205

Val Ala Ile Thr Val Leu Ile Tyr Pro Asn Ser Ile Gln Glu Tyr Ile
210 215 220

Arg Gln Leu Pro Pro Asn Phe Pro Tyr Arg Asp Asp Val Met Ser Val
225 230 235 240

Asn Pro Thr Cys Leu Val Leu Ile Ile Leu Leu Phe Ile Ser Ile Ile
245 250 255

Leu Thr Phe Lys Gly Tyr Leu Ile Ser Cys Val Trp Asn Cys Tyr Arg
260 265 270

Tyr Ile Asn Gly Arg Asn Ser Ser Asp Val Leu Val Tyr Val Thr Ser
275 280 285

Asn Asp Thr Thr Val Leu Leu Pro Pro Tyr Asp Asp Ala Thr Val Asn
290 295 300

Gly Ala Ala Lys Glu Pro Pro Pro Pro Tyr Val Ser Ala
305 310 315

<210> 62
<211> 1453
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (65)..(1057)
<223>

<400> 62
ggctgccgga gggcgggagg caggagcggg ccaggagctg ctgggctgga gcggcggcgc 60

cgcc atg tcc gac agc gag aag ctc aac ctg gac tcg atc atc ggg cgc	109
Met Ser Asp Ser Glu Lys Leu Asn Leu Asp Ser Ile Ile Gly Arg	
1 5 10 15	
ctg ctg gaa gtg cag ggc tcg cgg cct ggc aag aat gta cag ctg aca	157
Leu Leu Glu Val Gln Gly Ser Arg Pro Gly Lys Asn Val Gln Leu Thr	
20 25 30	
gag aac gag atc cgc ggt ctg tgc ctg aaa tcc cgg gag att ttt ctg	205
Glu Asn Glu Ile Arg Gly Leu Cys Leu Lys Ser Arg Glu Ile Phe Leu	
35 40 45	
agc cag ccc att ctt ctg gag ctg gag gca ccc ctc aag atc tgc ggt	253
Ser Gln Pro Ile Leu Leu Glu Leu Glu Ala Pro Leu Lys Ile Cys Gly	
50 55 60	
gac ata cac ggc cag tac tac gac ctt ctg cga cta ttt gag tat ggc	301
Asp Ile His Gly Gln Tyr Tyr Asp Leu Leu Arg Leu Phe Glu Tyr Gly	
65 70 75	
ggt ttc cct ccc gag agc aac tac ctc ttt ctg ggg gac tat gtg gac	349
Gly Phe Pro Pro Glu Ser Asn Tyr Leu Phe Leu Gly Asp Tyr Val Asp	
80 85 90 95	
agg ggc aag cag tcc ttg gag acc atc tgc ctg ctg ctg gcc tat aag	397
Arg Gly Lys Gln Ser Leu Glu Thr Ile Cys Leu Leu Leu Ala Tyr Lys	
100 105 110	
atc aag tac ccc gag aac ttc ttc ctg ctc cgt ggg aac cac gag tgt	445
Ile Lys Tyr Pro Glu Asn Phe Phe Leu Leu Arg Gly Asn His Glu Cys	
115 120 125	
gcc agc atc aac cgc atc tat ggt ttc tac gat gag tgc aag aga cgc	493
Ala Ser Ile Asn Arg Ile Tyr Gly Phe Tyr Asp Glu Cys Lys Arg Arg	
130 135 140	
tac aac atc aaa ctg tgg aaa acc ttc act gac tgc ttc aac tgc ctg	541
Tyr Asn Ile Lys Leu Trp Lys Thr Phe Thr Asp Cys Phe Asn Cys Leu	
145 150 155	
ccc atc gcg gcc ata gtg gac gaa aag atc ttc tgc tgc cac gga ggc	589
Pro Ile Ala Ala Ile Val Asp Glu Lys Ile Phe Cys Cys His Gly Gly	
160 165 170 175	
ctg tcc ccg gac ctg cag tct atg gag cag att cgg cgg atc atg cgg	637
Leu Ser Pro Asp Leu Gln Ser Met Glu Gln Ile Arg Arg Ile Met Arg	
180 185 190	
ccc aca gat gtg cct gac cag ggc ctg ctg tgt gac ctg ctg tgg tct	685
Pro Thr Asp Val Pro Asp Gln Gly Leu Leu Cys Asp Leu Leu Trp Ser	

195						200						205						
gac	cct	gac	aag	gac	gtg	cag	ggc	tgg	ggc	gag	aac	gac	cgt	ggc	gtc	733		
Asp	Pro	Asp	Lys	Asp	Val	Gln	Gly	Trp	Gly	Glu	Asn	Asp	Arg	Gly	Val			
210						215						220						
tct	ttt	acc	ttt	gga	gcc	gag	gtg	gtg	gcc	aag	ttc	ctc	cac	aag	cac	781		
Ser	Phe	Thr	Phe	Gly	Ala	Glu	Val	Val	Ala	Lys	Phe	Leu	His	Lys	His			
225						230						235						
gac	ttg	gac	ctc	atc	tgc	cga	gca	cac	cag	gtg	gta	gaa	gac	ggc	tac	829		
Asp	Leu	Asp	Leu	Ile	Cys	Arg	Ala	His	Gln	Val	Val	Glu	Asp	Gly	Tyr			
240						245						250						255
gag	ttc	ttt	gcc	aag	cgg	cag	ctg	gtg	aca	ctt	ttc	tca	gct	ccc	aac	877		
Glu	Phe	Phe	Ala	Lys	Arg	Gln	Leu	Val	Thr	Leu	Phe	Ser	Ala	Pro	Asn			
260						265						270						
tac	tgt	ggc	gag	ttt	gac	aat	gct	ggc	gcc	atg	atg	agt	gtg	gac	gag	925		
Tyr	Cys	Gly	Glu	Phe	Asp	Asn	Ala	Gly	Ala	Met	Met	Ser	Val	Asp	Glu			
275						280						285						
acc	ctc	atg	tgc	tct	ttc	cag	atc	ctc	aag	ccc	gcc	gac	aag	aac	aag	973		
Thr	Leu	Met	Cys	Ser	Phe	Gln	Ile	Leu	Lys	Pro	Ala	Asp	Lys	Asn	Lys			
290						295						300						
ggg	aag	tac	ggg	cag	ttc	agt	ggc	ctg	aac	cct	gga	ggc	cga	ccc	atc	1021		
Gly	Lys	Tyr	Gly	Gln	Phe	Ser	Gly	Leu	Asn	Pro	Gly	Gly	Arg	Pro	Ile			
305						310						315						
acc	cca	ccc	cgc	aat	tcc	gcc	aaa	gcc	aag	aaa	tag	cccccgccaca				1067		
Thr	Pro	Pro	Arg	Asn	Ser	Ala	Lys	Ala	Lys	Lys								
320						325						330						
ccaccctgtg cccagatga tggattgatt gtacagaaat catgctgccat tgctggggggg																1127		
gggtcacccc gacccctcag gccacactgt cacgggggaac atggagcctt ggtgtatttt																1187		
tcttttcttt ttttaatgaa tcaatagcag cgtccagtcc cccagggctg cttcctgcct																1247		
gcacctgcgg tgactgtgag caggatcctg gggccgaggc tgcagctcag ggcaacggca																1307		
ggccaggctcg tgggtctcca gccgtgcttg gcctcagggc tggcagccgg atcctggggc																1367		
aaccatctg gtctcttgaa taaagggtcaa agctggattc tcaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa																1427		
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa																1453		

<211> 330
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 63

Met Ser Asp Ser Glu Lys Leu Asn Leu Asp Ser Ile Ile Gly Arg Leu
1 5 10 15

Leu Glu Val Gln Gly Ser Arg Pro Gly Lys Asn Val Gln Leu Thr Glu
20 25 30

Asn Glu Ile Arg Gly Leu Cys Leu Lys Ser Arg Glu Ile Phe Leu Ser
35 40 45

Gln Pro Ile Leu Leu Glu Leu Glu Ala Pro Leu Lys Ile Cys Gly Asp
50 55 60

Ile His Gly Gln Tyr Tyr Asp Leu Leu Arg Leu Phe Glu Tyr Gly Gly
65 70 75 80

Phe Pro Pro Glu Ser Asn Tyr Leu Phe Leu Gly Asp Tyr Val Asp Arg
85 90 95

Gly Lys Gln Ser Leu Glu Thr Ile Cys Leu Leu Leu Ala Tyr Lys Ile
100 105 110

Lys Tyr Pro Glu Asn Phe Phe Leu Leu Arg Gly Asn His Glu Cys Ala
115 120 125

Ser Ile Asn Arg Ile Tyr Gly Phe Tyr Asp Glu Cys Lys Arg Arg Tyr
130 135 140

Asn Ile Lys Leu Trp Lys Thr Phe Thr Asp Cys Phe Asn Cys Leu Pro
145 150 155 160

Ile Ala Ala Ile Val Asp Glu Lys Ile Phe Cys Cys His Gly Gly Leu
165 170 175

Ser	Pro	Asp	Leu	Gln	Ser	Met	Glu	Gln	Ile	Arg	Arg	Ile	Met	Arg	Pro
			180					185					190		
Thr	Asp	Val	Pro	Asp	Gln	Gly	Leu	Leu	Cys	Asp	Leu	Leu	Trp	Ser	Asp
		195					200					205			
Pro	Asp	Lys	Asp	Val	Gln	Gly	Trp	Gly	Glu	Asn	Asp	Arg	Gly	Val	Ser
	210					215					220				
Phe	Thr	Phe	Gly	Ala	Glu	Val	Val	Ala	Lys	Phe	Leu	His	Lys	His	Asp
225					230					235					240
Leu	Asp	Leu	Ile	Cys	Arg	Ala	His	Gln	Val	Val	Glu	Asp	Gly	Tyr	Glu
			245					250						255	
Phe	Phe	Ala	Lys	Arg	Gln	Leu	Val	Thr	Leu	Phe	Ser	Ala	Pro	Asn	Tyr
		260					265					270			
Cys	Gly	Glu	Phe	Asp	Asn	Ala	Gly	Ala	Met	Met	Ser	Val	Asp	Glu	Thr
	275						280					285			
Leu	Met	Cys	Ser	Phe	Gln	Ile	Leu	Lys	Pro	Ala	Asp	Lys	Asn	Lys	Gly
	290					295					300				
Lys	Tyr	Gly	Gln	Phe	Ser	Gly	Leu	Asn	Pro	Gly	Gly	Arg	Pro	Ile	Thr
305					310					315					320
Pro	Pro	Arg	Asn	Ser	Ala	Lys	Ala	Lys	Lys						
			325						330						

<210> 64
<211> 1591
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (44)..(814)
<223>

<400> 64																
ccctg	cggtct	ctgccc	gccc	cgtgg	cgccc	gagtg	caactg	aag	atg	gcg	gct	gct				55
									Met	Ala	Ala	Ala				
									1							
gta	gga	cgg	ttg	ctc	cga	gcg	tcg	gtt	gcc	cga	cat	gtg	agt	gcc	att	103
Val	Gly	Arg	Leu	Leu	Arg	Ala	Ser	Val	Ala	Arg	His	Val	Ser	Ala	Ile	
5					10					15					20	
cct	tgg	ggc	att	tct	gcc	act	gca	gcc	ctc	agg	cct	gct	gca	tgt	gga	151
Pro	Trp	Gly	Ile	Ser	Ala	Thr	Ala	Ala	Leu	Arg	Pro	Ala	Ala	Cys	Gly	
				25					30					35		
aga	acg	agc	ttg	aca	aat	tta	ttg	tgt	tct	ggg	tcc	agt	caa	gca	aaa	199
Arg	Thr	Ser	Leu	Thr	Asn	Leu	Leu	Cys	Ser	Gly	Ser	Ser	Gln	Ala	Lys	
			40					45					50			
tta	ttc	agc	acc	agt	tcc	tca	tgc	cat	gca	cct	gct	gtc	acc	cag	cat	247
Leu	Phe	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Cys	His	Ala	Pro	Ala	Val	Thr	Gln	His	
		55					60					65				
gca	ccc	tat	ttt	aag	ggg	aca	gcc	gtt	gtc	aat	gga	gag	ttc	aaa	gac	295
Ala	Pro	Tyr	Phe	Lys	Gly	Thr	Ala	Val	Val	Asn	Gly	Glu	Phe	Lys	Asp	
	70					75					80					
cta	agc	ctt	gat	gac	ttt	aag	ggg	aaa	tat	ttg	gtg	ctt	ttc	ttc	tat	343
Leu	Ser	Leu	Asp	Asp	Phe	Lys	Gly	Lys	Tyr	Leu	Val	Leu	Phe	Phe	Tyr	
85					90					95					100	
cct	ttg	gat	ttc	acc	ttt	gtg	tgt	cct	aca	gaa	att	gtt	gct	ttt	agt	391
Pro	Leu	Asp	Phe	Thr	Phe	Val	Cys	Pro	Thr	Glu	Ile	Val	Ala	Phe	Ser	
				105					110					115		
gac	aaa	gct	aac	gaa	ttt	cac	gac	gtg	aac	tgt	gaa	gtt	gtc	gca	gtc	439
Asp	Lys	Ala	Asn	Glu	Phe	His	Asp	Val	Asn	Cys	Glu	Val	Val	Ala	Val	
			120					125					130			
tca	gtg	gat	tcc	cac	ttt	agc	cat	ctt	gcc	tgg	ata	aat	aca	cca	agg	487
Ser	Val	Asp	Ser	His	Phe	Ser	His	Leu	Ala	Trp	Ile	Asn	Thr	Pro	Arg	
		135					140					145				
aag	aat	ggg	ggg	ttg	ggc	cac	atg	aac	atc	gca	ctc	ttg	tca	gac	tta	535
Lys	Asn	Gly	Gly	Leu	Gly	His	Met	Asn	Ile	Ala	Leu	Leu	Ser	Asp	Leu	
	150					155				160						
act	aag	cag	att	tcc	cga	gac	tac	ggg	gtg	ctg	tta	gaa	ggg	tct	ggg	583
Thr	Lys	Gln	Ile	Ser	Arg	Asp	Tyr	Gly	Val	Leu	Leu	Glu	Gly	Ser	Gly	
165					170					175					180	
ctt	gca	cta	aga	ggg	ctc	ttc	ata	att	gac	ccc	aat	gga	gtc	atc	aag	631

Leu	Ala	Leu	Arg	Gly	Leu	Phe	Ile	Ile	Asp	Pro	Asn	Gly	Val	Ile	Lys	
				185					190					195		
cat	ttg	agc	gtc	aac	gat	ctc	cca	gtg	ggc	cga	agc	gtg	gaa	gaa	acc	679
His	Leu	Ser	Val	Asn	Asp	Leu	Pro	Val	Gly	Arg	Ser	Val	Glu	Glu	Thr	
			200					205					210			
ctc	cgc	ttg	gtg	aag	gcg	ttc	cag	tat	gta	gaa	aca	cat	gga	gaa	gtc	727
Leu	Arg	Leu	Val	Lys	Ala	Phe	Gln	Tyr	Val	Glu	Thr	His	Gly	Glu	Val	
			215				220						225			
tgc	cca	gcg	aac	tgg	aca	ccg	gat	tct	cct	acg	atc	aag	cca	agt	cca	775
Cys	Pro	Ala	Asn	Trp	Thr	Pro	Asp	Ser	Pro	Thr	Ile	Lys	Pro	Ser	Pro	
	230						235					240				
gct	gct	tcc	aaa	gag	tac	ttt	cag	aag	gta	aat	cag	tag	atc	accc	atg	824
Ala	Ala	Ser	Lys	Glu	Tyr	Phe	Gln	Lys	Val	Asn	Gln					
245					250					255						
tgtatctgca	ccttctcaac	tgagagaaga	accacagttg	aaacctgctt	ttatcatttt											884
caagatggtt	at ttgtagaa	ggcaaggaac	caattatgct	tgtattcata	agtattactc											944
taaatgtttt	gtttttgtaa	ttctggctaa	gaccttttaa	acatggtttag	ttgctagtac											1004
aaggaatcct	ttattggtaa	catcttgggtg	gctggctagc	tagtttctac	agaacataat											1064
ttgcctctat	agaaggctat	tcttagatca	tgtctcaatg	gaaacactct	tctttcttag											1124
ccttacttga	atcttgccta	taataaagta	gagcaacaca	cattgaaagc	ttctgatcaa											1184
cggtcctgaa	at tttcatct	tgaatgtctt	tgtatttaaac	tgaattttct	tttaagctaa											1244
caaagatcat	aat tttcaat	gattagccgt	gtaactcctg	caatgaatgt	ttatgtgatt											1304
gaagcaaatg	tgaatcgtat	tat ttttaaaa	agtggcagag	tgacttaact	gatcatgcat											1364
gatccctcat	ccctgaaatt	gagttttatgt	agtcattttta	cttatttttat	tcatttagcta											1424
actttgtcta	tgtatat ttc	tagatat tga	ttagtgtaat	cgattataaaa	ggatat tttat											1484
caaatccagg	gattgcattt	tgaaattata	attat ttttct	ttgctgaagt	attcattgta											1544
aaacatacaa	aataaacata	ttttaaaaca	tttgcatttt	accacca												1591

<210> 65
<211> 256
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 65

Met Ala Ala Ala Val Gly Arg Leu Leu Arg Ala Ser Val Ala Arg His
1 5 10 15

Val Ser Ala Ile Pro Trp Gly Ile Ser Ala Thr Ala Ala Leu Arg Pro
20 25 30

Ala Ala Cys Gly Arg Thr Ser Leu Thr Asn Leu Leu Cys Ser Gly Ser
35 40 45

Ser Gln Ala Lys Leu Phe Ser Thr Ser Ser Ser Cys His Ala Pro Ala
50 55 60

Val Thr Gln His Ala Pro Tyr Phe Lys Gly Thr Ala Val Val Asn Gly
65 70 75 80

Glu Phe Lys Asp Leu Ser Leu Asp Asp Phe Lys Gly Lys Tyr Leu Val
85 90 95

Leu Phe Phe Tyr Pro Leu Asp Phe Thr Phe Val Cys Pro Thr Glu Ile
100 105 110

Val Ala Phe Ser Asp Lys Ala Asn Glu Phe His Asp Val Asn Cys Glu
115 120 125

Val Val Ala Val Ser Val Asp Ser His Phe Ser His Leu Ala Trp Ile
130 135 140

Asn Thr Pro Arg Lys Asn Gly Gly Leu Gly His Met Asn Ile Ala Leu
145 150 155 160

Leu Ser Asp Leu Thr Lys Gln Ile Ser Arg Asp Tyr Gly Val Leu Leu
165 170 175

Glu Gly Ser Gly Leu Ala Leu Arg Gly Leu Phe Ile Ile Asp Pro Asn
180 185 190

Gly Val Ile Lys His Leu Ser Val Asn Asp Leu Pro Val Gly Arg Ser
195 200 205

Val Glu Glu Thr Leu Arg Leu Val Lys Ala Phe Gln Tyr Val Glu Thr
210 215 220

His Gly Glu Val Cys Pro Ala Asn Trp Thr Pro Asp Ser Pro Thr Ile
225 230 235 240

Lys Pro Ser Pro Ala Ala Ser Lys Glu Tyr Phe Gln Lys Val Asn Gln
245 250 255

<210> 66
<211> 1224
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (70)..(1041)
<223>

<400> 66
gcccattgtt tttgtaatct ctgaggagaa gcagcagcaa acatttgcta gtcagacaag 60

tgacaggga atg gat tcc aaa cac cag tgt gta aag cta aat gat ggc cac 111
Met Asp Ser Lys His Gln Cys Val Lys Leu Asn Asp Gly His
1 5 10

ttc atg cct gta ttg gga ttt ggc acc tat gca cct cca gag gtt ccg 159
Phe Met Pro Val Leu Gly Phe Gly Thr Tyr Ala Pro Pro Glu Val Pro
15 20 25 30

aga agt aaa gct ttg gag gtc aca aaa tta gca ata gaa gct ggg ttc 207
Arg Ser Lys Ala Leu Glu Val Thr Lys Leu Ala Ile Glu Ala Gly Phe
35 40 45

cgc cat ata gat tct gct cat tta tac aat aat gag gag cag gtt gga 255
Arg His Ile Asp Ser Ala His Leu Tyr Asn Asn Glu Glu Gln Val Gly
50 55 60

ctg gcc atc cga agc aag att gca gat ggc agt gtg aag aga gaa gac 303
Leu Ala Ile Arg Ser Lys Ile Ala Asp Gly Ser Val Lys Arg Glu Asp
65 70 75

ata	ttc	tac	act	tca	aag	ctt	tgg	tcc	act	ttt	cat	cga	cca	gag	ttg	351
Ile	Phe	Tyr	Thr	Ser	Lys	Leu	Trp	Ser	Thr	Phe	His	Arg	Pro	Glu	Leu	
	80					85					90					
gtc	cga	cca	gcc	ttg	gaa	aac	tca	ctg	aag	aaa	gct	caa	ttg	gac	tat	399
Val	Arg	Pro	Ala	Leu	Glu	Asn	Ser	Leu	Lys	Lys	Ala	Gln	Leu	Asp	Tyr	
95					100					105					110	
gtt	gac	ctc	tat	ctt	att	cat	tct	cca	atg	tct	cta	aag	cca	ggt	gag	447
Val	Asp	Leu	Tyr	Leu	Ile	His	Ser	Pro	Met	Ser	Leu	Lys	Pro	Gly	Glu	
				115					120					125		
gaa	ctt	tca	cca	aca	gat	gaa	aat	gga	aaa	gta	ata	ttt	gac	ata	gtg	495
Glu	Leu	Ser	Pro	Thr	Asp	Glu	Asn	Gly	Lys	Val	Ile	Phe	Asp	Ile	Val	
			130					135					140			
gat	ctc	tgt	acc	acc	tgg	gag	gcc	atg	gag	aag	tgt	aag	gat	gca	gga	543
Asp	Leu	Cys	Thr	Thr	Trp	Glu	Ala	Met	Glu	Lys	Cys	Lys	Asp	Ala	Gly	
		145					150					155				
ttg	gcc	aag	tcc	att	ggg	gtg	tca	aac	ttc	aac	cgc	agg	cag	ctg	gag	591
Leu	Ala	Lys	Ser	Ile	Gly	Val	Ser	Asn	Phe	Asn	Arg	Arg	Gln	Leu	Glu	
	160					165					170					
atg	atc	ctc	aac	aag	cca	gga	ctc	aag	tac	aag	cct	gtc	tgc	aac	cag	639
Met	Ile	Leu	Asn	Lys	Pro	Gly	Leu	Lys	Tyr	Lys	Pro	Val	Cys	Asn	Gln	
175					180					185					190	
gta	gaa	tgt	cat	ccg	tat	ttc	aac	cgg	agt	aaa	ttg	cta	gat	ttc	tgc	687
Val	Glu	Cys	His	Pro	Tyr	Phe	Asn	Arg	Ser	Lys	Leu	Leu	Asp	Phe	Cys	
				195					200					205		
aag	tcg	aaa	gat	att	gtt	ctg	gtt	gcc	tat	agt	gct	ctg	gga	tct	caa	735
Lys	Ser	Lys	Asp	Ile	Val	Leu	Val	Ala	Tyr	Ser	Ala	Leu	Gly	Ser	Gln	
			210					215					220			
cga	gac	aaa	cga	tgg	gtg	gac	ccg	aac	tcc	ccg	gtg	ctc	ttg	gag	gac	783
Arg	Asp	Lys	Arg	Trp	Val	Asp	Pro	Asn	Ser	Pro	Val	Leu	Leu	Glu	Asp	
		225					230					235				
cca	gtc	ctt	tgt	gcc	ttg	gca	aaa	aag	cac	aag	cga	acc	cca	gcc	ctg	831
Pro	Val	Leu	Cys	Ala	Leu	Ala	Lys	Lys	His	Lys	Arg	Thr	Pro	Ala	Leu	
	240					245					250					
att	gcc	ctg	cgc	tac	cag	ctg	cag	cgt	ggg	gtt	gtg	gtc	ctg	gcc	aag	879
Ile	Ala	Leu	Arg	Tyr	Gln	Leu	Gln	Arg	Gly	Val	Val	Val	Leu	Ala	Lys	
255					260					265					270	
agc	tac	aat	gag	cag	cgc	atc	aga	cag	aac	gtg	cag	gtt	ttt	gag	ttc	927
Ser	Tyr	Asn	Glu	Gln	Arg	Ile	Arg	Gln	Asn	Val	Gln	Val	Phe	Glu	Phe	

275

280

285

c a g t t g a c t g c a g a g g a c a t g a a a g c c a t a g a t g g c c t a g a c a g a a a t 975
Gln Leu Thr Ala Glu Asp Met Lys Ala Ile Asp Gly Leu Asp Arg Asn
290 295 300

c t c c a c t a t t t t a a c a g t g a t a g t t t t g c t a g c c a c c c t a a t t a t c c a 1023
Leu His Tyr Phe Asn Ser Asp Ser Phe Ala Ser His Pro Asn Tyr Pro
305 310 315

t a t t c a g a t g a a t a t t a a c a t g g a g g g c t t t g c c t g a t g t c t a c c a g a 1071
Tyr Ser Asp Glu Tyr
320

a g c c c t g t g t g t g g a t g g t g a c g c a g a g g a c g t c t c t a t g c c g g t g a c t g g a c a t a t c a c 1131

c t c t a c t t a a a t c c g t c c t g t t t a g c g a c t t c a g t c a a c t a c a g e t g a g t c c a t a g g c c a 1191

g a a a g a c a a t a a a t t t t t a t c a t t t t g a a a t a a 1224

<210> 67

<211> 323

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 67

Met Asp Ser Lys His Gln Cys Val Lys Leu Asn Asp Gly His Phe Met
1 5 10 15

Pro Val Leu Gly Phe Gly Thr Tyr Ala Pro Pro Glu Val Pro Arg Ser
20 25 30

Lys Ala Leu Glu Val Thr Lys Leu Ala Ile Glu Ala Gly Phe Arg His
35 40 45

Ile Asp Ser Ala His Leu Tyr Asn Asn Glu Glu Gln Val Gly Leu Ala
50 55 60

Ile Arg Ser Lys Ile Ala Asp Gly Ser Val Lys Arg Glu Asp Ile Phe
65 70 75 80

Tyr Thr Ser Lys Leu Trp Ser Thr Phe His Arg Pro Glu Leu Val Arg
85 90 95

Pro	Ala	Leu	Glu	Asn	Ser	Leu	Lys	Lys	Ala	Gln	Leu	Asp	Tyr	Val	Asp
			100					105					110		
Leu	Tyr	Leu	Ile	His	Ser	Pro	Met	Ser	Leu	Lys	Pro	Gly	Glu	Glu	Leu
		115					120					125			
Ser	Pro	Thr	Asp	Glu	Asn	Gly	Lys	Val	Ile	Phe	Asp	Ile	Val	Asp	Leu
	130					135					140				
Cys	Thr	Thr	Trp	Glu	Ala	Met	Glu	Lys	Cys	Lys	Asp	Ala	Gly	Leu	Ala
145					150					155					160
Lys	Ser	Ile	Gly	Val	Ser	Asn	Phe	Asn	Arg	Arg	Gln	Leu	Glu	Met	Ile
			165					170						175	
Leu	Asn	Lys	Pro	Gly	Leu	Lys	Tyr	Lys	Pro	Val	Cys	Asn	Gln	Val	Glu
			180					185					190		
Cys	His	Pro	Tyr	Phe	Asn	Arg	Ser	Lys	Leu	Leu	Asp	Phe	Cys	Lys	Ser
		195					200					205			
Lys	Asp	Ile	Val	Leu	Val	Ala	Tyr	Ser	Ala	Leu	Gly	Ser	Gln	Arg	Asp
	210					215					220				
Lys	Arg	Trp	Val	Asp	Pro	Asn	Ser	Pro	Val	Leu	Leu	Glu	Asp	Pro	Val
225					230					235					240
Leu	Cys	Ala	Leu	Ala	Lys	Lys	His	Lys	Arg	Thr	Pro	Ala	Leu	Ile	Ala
			245						250					255	
Leu	Arg	Tyr	Gln	Leu	Gln	Arg	Gly	Val	Val	Val	Leu	Ala	Lys	Ser	Tyr
			260					265					270		
Asn	Glu	Gln	Arg	Ile	Arg	Gln	Asn	Val	Gln	Val	Phe	Glu	Phe	Gln	Leu
		275					280					285			

ThrAlaGluAspMetLysAlaIleAspGlyLeuAspArgAsnLeuHis

290295300

TyrPheAsnSerAspSerPheAlaSerHisProAsnTyrProTyrSer

305310315320

AspGluTyr

<210>68

<211>1715

<212>DNA

<213>Homo sapiens

<220>

<221>CDS

<222>(37)..(591)

<223>

<400>68

ccgtgctctgcctcctgtgttccagggactttgaacatgtcggggatcgccctc54

MetSerGlyIleAlaLeu

15

agcagactccagaggaaagcatggaggaaagacacccattt102

SerArgLeuAlaGlnGluArgLysAlaTrpArgLysAspHisProPhe

101520

ggtttcgtggctgtccacacaaaatatcccgatggcaccgatgaacctc150

GlyPheValAlaValProThrLysAsnProAspGlyThrMetAsnLeu

253035

atgaactgggaggtgcgccattccaagaaagggactccgtgggaa198

MetAsnTrpGluCysAlaIleProGlyLysLysGlyThrProTrpGlu

404550

ggaggcttgtttaaactaaggatgcttttcaaaatgatgatattccaacct246

GlyGlyLeuPheLysLeuArgMetLeuPheLysAspAspTyrProSer

55606570

tcgccaaccaaatgtaaaaattcgaaaccaccaattaattcacccgaatgtg294

SerProProLysCysLysPheGluProProLeuPheHisProAsnVal

758085

tacccttcggggacagtgtgtcctgtccatcttaaggaggacaaaggac342

TyrProSerGlyThrValCysLeuSerIleLeuGluGluAspLysAsp

9095100

tgg agg cca gcc atc aca atc aaa cag atc cta tta gga ata cag gaa	390
Trp Arg Pro Ala Ile Thr Ile Lys Gln Ile Leu Leu Gly Ile Gln Glu	
105 110 115	
ctt cta aat gaa cca aat atc caa gac cca gct caa gca gag gcc tac	438
Leu Leu Asn Glu Pro Asn Ile Gln Asp Pro Ala Gln Ala Glu Ala Tyr	
120 125 130	
acg att tac tgg tta gta gca gcc ctg gcc ccg ctg gtg gca gct cct	486
Thr Ile Tyr Trp Leu Val Ala Ala Leu Ala Pro Leu Val Ala Ala Pro	
135 140 145 150	
ccc cgt ccc agc caa ggc cgc ctg gca gga cgg gag tgg agc aca cag	534
Pro Arg Pro Ser Gln Gly Arg Leu Ala Gly Arg Glu Trp Ser Thr Gln	
155 160 165	
gct cac cct agg gac agc cag ggt ccg cgc ctc tgt ggg gaa ggt cgg	582
Ala His Pro Arg Asp Ser Gln Gly Pro Arg Leu Cys Gly Glu Gly Arg	
170 175 180	
ggg gca taa accctgtggg cagcaggcac cgttgcacac cgtctgcggt	631
Gly Ala	
gggcatggat ggcgccggag ccgtgtccag gggagggagc aggccagggtg acaggggctg	691
tcttggggcca ctgccccagt gagttgtggc cagctaggag gggaaggacc ctgggcgctgg	751
gtgccagagg aggccatgct gagaggcctc tccaccggct cagcctcccg tggaccccag	811
cctcccgcgc cgccttctgt gcttgtcccc atccccctcta caacttgggt ccttctgtgg	871
ggggggcccag cccagcaggg ctcatgtgacg tgatgctgtc acacgggacc tgggcttcca	931
ccctgtccct gtgagggtgct gctgtggcta gaagggtccc cgtgggacctg gggtcctgtc	991
tgcaccgagg agggcctgggt gtgagttagg atgcagacga cagccaaaca gtgctgggga	1051
aagcaggggag gaccctgccc tgagcagagg ccatgcgccc gcctgtcctg ttccctctgc	1111
agctgtttctg ggcagggtcca taagaagggtg ggttggggcc tccgaccccc actgctccgc	1171
ctgcagggtt gagaaaccca gccccatctc accacgggtc cccacacctc tgaggaggtc	1231
tcaggggcccc caatggccag ggacccagaa ggctcacctg cagccacccc acacatccct	1291
gccactgttg gcatcagagg ccctctccct ccagggtgca tctcctggtc aggagggggg	1351
aggcccgggtt gccttaggcc cggcctgcac aggtcgtgag gaaaagcacc tggtttctggc	1411

c g g g c g c g g t	g g c t c a c g c t	t g t a a t c c c a	g c a c t t t g g g	a g g c c g a g g t	g g g c g a a t c a	1471
t g c g g t c a g g	a g t t c g a g a c	c a g c c t g g c c	a a c a t g g c g a	a a c c c t c g t c	c c t a c t a a a a	1531
a t a c a a a a a a	t t a g t t g g g c	g t a g t g g t g g	g t g c c t c t a a	t c c c a g c t a c	c t g g g a g g c t	1591
g a g a c a g g a g	a a t c a c t t g a	a c c c g g g a g g	c g g a g g t t g c	a g t g a g c c g a	g a t c c t g c c a	1651
c t g c t c t c c a	g c c t g g c g a c	g g a g g a a t g c	t g t c t c a a a a	a a a a a a a a a a	a a a a a a a a a a	1711
a a a a						1715

$\langle 210 \rangle$	69
$\langle 211 \rangle$	184
$\langle 212 \rangle$	PRT
$\langle 213 \rangle$	Homo sapiens

$\langle 400 \rangle$ 69

Met Ser Gly Ile Ala Leu Ser Arg Leu Ala Gln Glu Arg Lys Ala Trp
1 5 10 15

Arg Lys Asp His Pro Phe Gly Phe Val Ala Val Pro Thr Lys Asn Pro
20 25 30

Asp Gly Thr Met Asn Leu Met Asn Trp Glu Cys Ala Ile Pro Gly Lys
35 40 45

Lys Gly Thr Pro Trp Glu Gly Gly Leu Phe Lys Leu Arg Met Leu Phe
50 55 60

Lys Asp Asp Tyr Pro Ser Ser Pro Pro Lys Cys Lys Phe Glu Pro Pro
65 70 75 80

Leu Phe His Pro Asn Val Tyr Pro Ser Gly Thr Val Cys Leu Ser Ile
85 90 95

Leu Glu Glu Asp Lys Asp Trp Arg Pro Ala Ile Thr Ile Lys Gln Ile
100 105 110

Leu Leu Gly Ile Gln Glu Leu Leu Asn Glu Pro Asn Ile Gln Asp Pro

Ala Gln Ala Glu Ala Tyr Thr Ile Tyr Trp Leu Val Ala Ala Leu Ala
130 135 140

Pro Leu Val Ala Ala Pro Pro Arg Pro Ser Gln Gly Arg Leu Ala Gly
145 150 155 160

Arg Glu Trp Ser Thr Gln Ala His Pro Arg Asp Ser Gln Gly Pro Arg
165 170 175

Leu Cys Gly Glu Gly Arg Gly Ala
180

<210> 70
<211> 1327
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (100)..(966)
<223>

<400> 70
ctcctctccg cgcggggcgg gctccgcgcc acgtgactcc gcggccgggc cgggacgcga 60

cgggacgcgc tgggaccggc gtcgggggtc gcggggacc atg cag cgg agg tgg 114
Met Gln Arg Arg Trp
1 5

gtc ttc gtg ctg ctc gac gtg ctg tgc tta ctg gtc gcc tcc ctg ccc 162
Val Phe Val Leu Leu Asp Val Leu Cys Leu Leu Val Ala Ser Leu Pro
10 15 20

ttc gct atc ctg acg ctg gtg aac gcc ccg tac aag cga gga ttt tac 210
Phe Ala Ile Leu Thr Leu Val Asn Ala Pro Tyr Lys Arg Gly Phe Tyr
25 30 35

tgc ggg gat gac tcc atc cgg tac ccc tac cgt cca gat acc atc acc 258
Cys Gly Asp Asp Ser Ile Arg Tyr Pro Tyr Arg Pro Asp Thr Ile Thr
40 45 50

cac ggg ctc atg gct ggg gtc acc atc acg gcc acc gtc atc ctt gtc 306
His Gly Leu Met Ala Gly Val Thr Ile Thr Ala Thr Val Ile Leu Val

55					60					65						
t c g	g c c	g g g	g a a	g c c	t a c	c t g	g t g	t a c	a c a	g a c	c g g	c t c	t a t	t c t	c g c	354
Ser	Ala	Gly	Glu	Ala	Tyr	Leu	Val	Tyr	Thr	Asp	Arg	Leu	Tyr	Ser	Arg	
70					75					80					85	
t c g	g a c	t t c	a a c	a a c	t a c	g t g	g c t	g c t	g t a	t a c	a a g	g t g	c t g	g g g	a c c	402
Ser	Asp	Phe	Asn	Asn	Tyr	Val	Ala	Ala	Val	Tyr	Lys	Val	Leu	Gly	Thr	
				90					95					100		
t t c	c t g	t t t	g g g	g c t	g c c	g t g	a g c	c a g	t c t	c t g	a c a	g a c	c t g	g c c	a a g	450
Phe	Leu	Phe	Gly	Ala	Ala	Val	Ser	Gln	Ser	Leu	Thr	Asp	Leu	Ala	Lys	
			105					110					115			
t a c	a t g	a t t	g g g	c g t	c t g	a g g	c c c	a a c	t t c	c t a	g c c	g t c	t g c	g a c	c c c	498
Tyr	Met	Ile	Gly	Arg	Leu	Arg	Pro	Asn	Phe	Leu	Ala	Val	Cys	Asp	Pro	
		120					125					130				
g a c	t g g	a g c	c g g	g t c	a a c	t g c	t c g	g t c	t a t	g t g	c a g	c t g	g a g	a a g	g t g	546
Asp	Trp	Ser	Arg	Val	Asn	Cys	Ser	Val	Tyr	Val	Gln	Leu	Glu	Lys	Val	
	135					140					145					
t g c	a g g	g g a	a a c	c c t	g c t	g a t	g t c	a c c	g a g	g c c	a g g	t t g	t c t	t t c	t a c	594
Cys	Arg	Gly	Asn	Pro	Ala	Asp	Val	Thr	Glu	Ala	Arg	Leu	Ser	Phe	Tyr	
150					155					160					165	
t c g	g g a	c a c	t c t	t c c	t t t	g g g	a t g	t a c	t g c	a t g	g t g	t t c	t t g	g c g	c t g	642
Ser	Gly	His	Ser	Ser	Phe	Gly	Met	Tyr	Cys	Met	Val	Phe	Leu	Ala	Leu	
				170					175					180		
t a t	g t g	c a g	g c a	c g a	c t c	t g t	t g g	a a g	t g g	g c a	c g g	c t g	c t g	c g a	c c c	690
Tyr	Val	Gln	Ala	Arg	Leu	Cys	Trp	Lys	Trp	Ala	Arg	Leu	Leu	Arg	Pro	
			185					190					195			
a c a	g t c	c a g	t t c	t t c	c t g	g t g	g c c	t t t	g c c	c t c	t a c	g t g	g g c	t a c	a c c	738
Thr	Val	Gln	Phe	Phe	Leu	Val	Ala	Phe	Ala	Leu	Tyr	Val	Gly	Tyr	Thr	
		200					205					210				
c g c	g t g	t c t	g a t	t a c	a a a	c a c	c a c	t g g	a g c	g a t	g t c	c t t	g t t	g g c	c t c	786
Arg	Val	Ser	Asp	Tyr	Lys	His	His	Trp	Ser	Asp	Val	Leu	Val	Gly	Leu	
	215					220					225					
c t g	c a g	g g g	g c a	c t g	g t g	g c t	g c c	c t c	a c t	g t c	t g c	t a c	a t c	t c a	g a c	834
Leu	Gln	Gly	Ala	Leu	Val	Ala	Ala	Leu	Thr	Val	Cys	Tyr	Ile	Ser	Asp	
230					235					240					245	
t t c	t t c	a a a	g c c	c g a	c c c	c c a	c a g	c a c	t g t	c t g	a a g	g a g	g a g	g a g	c t g	882
Phe	Phe	Lys	Ala	Arg	Pro	Pro	Gln	His	Cys	Leu	Lys	Glu	Glu	Glu	Leu	
				250					255					260		

g a a	c g g	a a g	c c c	a g c	c t g	t c a	c t g	a c g	t t g	a c c	c t g	g g c	g a g	g c t	g a c	930
G l u	A r g	L y s	P r o	S e r	L e u	S e r	L e u	T h r	L e u	T h r	L e u	G l y	G l u	A l a	A s p	
			265					270						275		

c a c	a a c	c a c	t a t	g g a	t a c	c c g	c a c	t c c	t c c	t c c	t g a	g g c c g g a c c c	976
H i s	A s n	H i s	T y r	G l y	T y r	P r o	H i s	S e r	S e r	S e r			
			280					285					

c g c c c a g g c a	g g g a g c t g c t	g t g a g t c c a g	c t g a g g c c c a	c c c a g g t g g t	c c c t c c a g c c	1036
c t g g t t a g g c	a c t g a g g g c t	c t g g a c g g g c	t c c a g g a a c c	c t g g g c t g a t	g g g a g c a g t g	1096
a g c g g g c t c c	g c t g c c c c c t	g c c c t g c a c t	g g a c c a g g a g	t c t g g a g a t g	c c t g g g t a g c	1156
c c t c a g c a t t	t g g a g g g g a a	c c t g t t c c c g	t c g g t c c c c a	a a t a t c c c c t	t c t t t t t a t g	1216
g g g t t a a g g a	a g g g a c c g a g	a g a t c a g a t a	g t t g c t g t t t	t g t a a a a t g t	a a t g t a t a t g	1276
t g g t t t t t a g	t a a a a t a g g g	c a c c t g t t t c	a c a a a a a a a a	a a a a a a a a a a	a	1327

<210> 71
<211> 288
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 71

Met	Gln	Arg	Arg	Trp	Val	Phe	Val	Leu	Leu	Asp	Val	Leu	Cys	Leu	Leu
1				5				10					15		

Val	Ala	Ser	Leu	Pro	Phe	Ala	Ile	Leu	Thr	Leu	Val	Asn	Ala	Pro	Tyr
			20					25					30		

Lys	Arg	Gly	Phe	Tyr	Cys	Gly	Asp	Asp	Ser	Ile	Arg	Tyr	Pro	Tyr	Arg
		35					40					45			

Pro	Asp	Thr	Ile	Thr	His	Gly	Leu	Met	Ala	Gly	Val	Thr	Ile	Thr	Ala
	50					55					60				

Thr	Val	Ile	Leu	Val	Ser	Ala	Gly	Glu	Ala	Tyr	Leu	Val	Tyr	Thr	Asp
65					70					75					80

Arg	Leu	Tyr	Ser	Arg	Ser	Asp	Phe	Asn	Asn	Tyr	Val	Ala	Ala	Val	Tyr
				85					90					95	

Lys	Val	Leu	Gly	Thr	Phe	Leu	Phe	Gly	Ala	Ala	Val	Ser	Gln	Ser	Leu
			100					105					110		
Thr	Asp	Leu	Ala	Lys	Tyr	Met	Ile	Gly	Arg	Leu	Arg	Pro	Asn	Phe	Leu
		115					120					125			
Ala	Val	Cys	Asp	Pro	Asp	Trp	Ser	Arg	Val	Asn	Cys	Ser	Val	Tyr	Val
	130					135					140				
Gln	Leu	Glu	Lys	Val	Cys	Arg	Gly	Asn	Pro	Ala	Asp	Val	Thr	Glu	Ala
145					150					155					160
Arg	Leu	Ser	Phe	Tyr	Ser	Gly	His	Ser	Ser	Phe	Gly	Met	Tyr	Cys	Met
				165					170					175	
Val	Phe	Leu	Ala	Leu	Tyr	Val	Gln	Ala	Arg	Leu	Cys	Trp	Lys	Trp	Ala
			180					185					190		
Arg	Leu	Leu	Arg	Pro	Thr	Val	Gln	Phe	Phe	Leu	Val	Ala	Phe	Ala	Leu
		195					200					205			
Tyr	Val	Gly	Tyr	Thr	Arg	Val	Ser	Asp	Tyr	Lys	His	His	Trp	Ser	Asp
	210					215					220				
Val	Leu	Val	Gly	Leu	Leu	Gln	Gly	Ala	Leu	Val	Ala	Ala	Leu	Thr	Val
225					230					235					240
Cys	Tyr	Ile	Ser	Asp	Phe	Phe	Lys	Ala	Arg	Pro	Pro	Gln	His	Cys	Leu
				245					250					255	
Lys	Glu	Glu	Glu	Leu	Glu	Arg	Lys	Pro	Ser	Leu	Ser	Leu	Thr	Leu	Thr
			260					265					270		
Leu	Gly	Glu	Ala	Asp	His	Asn	His	Tyr	Gly	Tyr	Pro	His	Ser	Ser	Ser
		275					280					285			

<210> 72
<211> 2980
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (274)..(519)
<223>

<220>
<221> misc-feature
<222> (2974)..(2974)
<223> n = a, t, g or c

<400> 72
ggccgctcct gctgctgcta ctgccgccgc cgcagcggct gctcgggctg agcacgcccc 60

ggaacaggcc gccgcgcgct gcgcgccgga cccgctgccc ctgccggccc ggccgggtcg 120

ggcggcccag ggaccgacag acttgacaac ggtgacagca ctggggcggc accttcctac 180

ttctgcccag ccacagccct cccctcacag ttgagcacct gtttgcctga agttaatttc 240

cagaagcagg agtccccaga gccaggcagg ggg atg aac cgc gag gga gct ccc 294
Met Asn Arg Glu Gly Ala Pro
1 5

ggg aag agt ccg gag gag atg tac att cag cag aag gtc cga gtg ctg 342
Gly Lys Ser Pro Glu Glu Met Tyr Ile Gln Gln Lys Val Arg Val Leu
10 15 20

ctc atg ctg cgg aag atg gga tca aac ctg aca gcc agc gag gag gag 390
Leu Met Leu Arg Lys Met Gly Ser Asn Leu Thr Ala Ser Glu Glu Glu
25 30 35

ttc ctg cgc acc tat gca ggg gtg gtc aac agc cag ctc agc cag ctg 438
Phe Leu Arg Thr Tyr Ala Gly Val Val Asn Ser Gln Leu Ser Gln Leu
40 45 50 55

cct ccg cac tcc atc gac cag ggt gca gag gac gtg gtg atg gcg ttt 486
Pro Pro His Ser Ile Asp Gln Gly Ala Glu Asp Val Val Met Ala Phe
60 65 70

tcc agg tcg gag acg gaa gac cgg agg cag tag ctgcaaagcc cttggaacac 539
Ser Arg Ser Glu Thr Glu Asp Arg Arg Gln
75 80

cctggatgct gttgaagggc caagagatct gtgtggctcc tgggccggct gaatggcagc 599

agccccccctt	gccccacctc	cccccttccct	acccaacccct	gcccctgcccc	acccccacctc	659
acagctactc	agtggggctg	gcatacaaggg	agacaccagt	ggtgcgttta	taattggctt	719
aaagggatgg	acttggtgatt	ggctgcaagga	agaaactttt	ttattttttta	aatcttgacc	779
aacagaaacc	ttttatTTTT	atttctgact	cttatTTTTT	aaaaaatTTTg	cgcctcggta	839
tctggcttcc	ctggaagctc	tccgagctct	ggtgcttttag	ttagggtcatt	tttttagaaa	899
tgtgaagagg	tctgattggc	tgcttaaaact	ggaaaagggac	tgtgattggc	tggttaatgg	959
gaaacggttt	ttttcttttg	ctgcagggtgt	tctgctgata	tcaacagctt	ccctatTTTTg	1019
aatgcagaaa	acaggggtctg	ggacattagt	cgttatatatt	gacttgaaaa	gaaagaaaacc	1079
aagtgcgcctt	tgcaatatatt	attacacaaa	gaacttgctg	ctgccttcac	atttgggggtt	1139
tgtgtttgat	tggcttttcga	tgcggtgtgtt	tggttttccca	ttggttcaccc	tgtgactcct	1199
gttgccatgg	attcaccccc	ctctgctgcc	ggctctggggc	ctgaggggtcc	acctggagag	1259
tacatTTtgct	ttaatgagtg	cacctgcctc	caccagcaag	gggaaccccg	gaacccctgag	1319
caggggtccac	agctggaaaag	ttggggccctt	gaggagcttt	gtgtcgtctt	gaacgagcag	1379
cccagggcct	agaggtaaac	gttaggcggg	atttatgtgc	actgcctgca	tgagctggca	1439
accagccagc	gtcccttggt	gagaaaaggg	ttgctgaggc	accgtccagg	ccccaccggc	1499
cagggccgcgc	ccagcagagg	cgtactaccc	agctctgtcc	tcttggccat	ccttctgtgt	1559
accacttcct	gaggcctcat	tttggggggtc	atcttggaaa	ggggaggagc	ttctcccagt	1619
gtgagacccc	aaagactctg	gagggtcatct	ggcggagggtc	tctgggagcc	cagaacccac	1679
ataaaaagccc	cagcttggtt	cacaaggccc	aggagacctc	cagctaaaca	ccaacccctg	1739
acctacccca	gccaggctcc	tacctgtctg	ctgccagcac	agtaggtccc	ggccagctct	1799
ggagtTctct	categgaggc	ccatgccctc	cactccactg	cctttggaag	ggtctctctc	1859
caggtcagcc	tggaagggac	agtatcgttt	gtttatgaaa	tgccactggg	acagctggct	1919
gggccttcac	caagcaagtc	ccttcagact	ggcccttaag	ccaaactcag	gcccagaatt	1979
gcagtTcaga	atggcagttc	tggaggcagg	gggtgagggg	caggctctagt	gttcctgcac	2039
caaacctaag	tccttccacc	tgccaccccc	ttccctggga	gggagggtggt	cctcctatct	2099

```

c c c t g g c t c a   c t g g c a g g t g   t g g g a t c t g g   g g a g a g c g g c   t g g a g a a a g a   t g c a g t c c t c   2159
a g g a a g g g g g   c c g c c a c c c t   c c c c t a t g c t   g g t a g a t g c t   g a g g c c c c t a   g g t g c c c a g g   2219
g c c a g t g g g a   c c c t c t c a g a   a c c a a a t c t t   t c c c c t t t c t   c g g g g c t t g g   g g c t c g g g c c   2279
g t a g g g g c t c   c t g a g t g t c a   t g a a g t g c a c   a g g a g c c a a a   t g a c c g a g c c   c t g g a g a g c c   2339
c c a t g g t g g g   t a g g t g g t t c   g t g c t g t g c t   c t g g c a c c a t   c a g c c t g t t c   c a g a a g g a g g   2399
a t t c g a g c a t   c a g g c t a a g a   c c c t g t g t c c   t c c a c c a t g c   a c t c a c c c c t   a g c c c t g g t t   2459
a g c t g a c a g t   c a g c t g t g g g   g a a c a c a g c t   a c a a c c c t a c   c c t g g c a g g g   a c c t g a g a g c   2519
a t c t c a g g a g   g g g c a g c g c a   t g t g t g c a t g   t g c t g t g t g a   g t g a g c a c a c   c c g t g t g c a c   2579
a c t c a t a c a c   a t g t g c a c a c   a c a c g c a c t c   t c c c c g c t c a   g g g g c c t g g a   g g t c t g g c t g   2639
a g c c c c t g g g   g a a a g g t g a g   t t c t t t c a t c   t c c c t c c t c c   a g g t c g g a g t   g c c t g g a g t c   2699
a g g t g t c g a g   g c c a c a t t g c   t g g c t g c c c c   c t c t t t g t a g   c t c c t a t a a a   g g g c c c a c a c   2759
c t g g t g g a t a   c c t g g t t g a g   c g t g t g g t c t   c t g c c c c a g c   c t g t c c t t g t   c a c g a t c a c a   2819
g g c c t t g c t t   t t g t a a c a a t   g a t g a c c c c g   g c c t g t c t c a   t c t t c t g a a g   a g g a a a a g t c   2879
a a a g t g t t g c   t g t g g c t c c a   t a t t t c a a c t   a a a a a t a t a t   c t g t t g g a g a   a a g a a a t t a a   2939
c a a t a a a g a a   t t t t c a t a g g   t t a a a a a a a a   a a a a n a a a a a   g   2980

```

```

<210> 73
<211> 81
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 73

```

```

Met Asn Arg Glu Gly Ala Pro Gly Lys Ser Pro Glu Glu Met Tyr Ile
1          5          10          15

```

```

Gln Gln Lys Val Arg Val Leu Leu Met Leu Arg Lys Met Gly Ser Asn
          20          25          30

```

```

Leu Thr Ala Ser Glu Glu Glu Phe Leu Arg Thr Tyr Ala Gly Val Val
          35          40          45

```

Asn Ser Gln Leu Ser Gln Leu Pro Pro His Ser Ile Asp Gln Gly Ala
50 55 60

Glu Asp Val Val Met Ala Phe Ser Arg Ser Glu Thr Glu Asp Arg Arg
65 70 75 80

Gln

<210> 74
<211> 2153
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (589)..(1356)
<223>

<400> 74
cagcggccgg gagggggctc cgggggaccat gggggctcctg accattctga agaagatgaa 60
gcagaaagag cgggagctgc gactgctcat gcttggcctg gacaatgctg gaaagacaac 120
catcctgaag aagtccaatg gggaggacat cgacaccatc tccccaacgc tgggcttcaa 180
catcaagacc ctggagcacc gaggattcaa gctgaacatc tgggatgtgg gtggccagaa 240
gtccctgcgg tcctactggc ggaactactt tgagagcacc gatggcctca tctgggtagt 300
ggacagcgca gaccgccagc gcatgcagga ctgccagcgg gagctccaga gcctgctggt 360
ggaggagtga cctgggttta cgcttcacca cagagaagga acttttcaga cgctcccttg 420
gccgcgcacc cgggatcggg acagcgcctgt cacttgcgac aaaatcccta ggccagagga 480
agaagagcgc aggcctgggc gaggcggcgg cgggcggagg ctggggccgga ggggtgggga 540
cggcgaggag gtggaggccg gcgctccgct ccgctccagc tcggtttc atg tcc cgc 597
Met Ser Arg
1

cag gcg aag gat gac ttc ctg cgg cac tac aca gtg tcg gac ccc agg 645
Gln Ala Lys Asp Asp Phe Leu Arg His Tyr Thr Val Ser Asp Pro Arg
5 10 15

act	cac	ccc	aag	ggc	tac	acc	gag	tac	aaa	gta	acc	gcg	cag	ttc	atc	693
Thr	His	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Glu	Tyr	Lys	Val	Thr	Ala	Gln	Phe	Ile	
20					25					30					35	
tca	aag	aag	gac	cca	gag	gat	gtc	aaa	gag	gtg	gtg	gtc	tgg	aag	cgg	741
Ser	Lys	Lys	Asp	Pro	Glu	Asp	Val	Lys	Glu	Val	Val	Val	Trp	Lys	Arg	
				40					45					50		
tac	agc	gac	ttc	cgc	aag	ctg	cat	gga	gac	ctg	gcc	tac	acc	cac	cgc	789
Tyr	Ser	Asp	Phe	Arg	Lys	Leu	His	Gly	Asp	Leu	Ala	Tyr	Thr	His	Arg	
			55					60					65			
aac	ctc	ttc	cgc	cgc	ctc	gag	gag	ttc	cct	gct	ttc	ccc	cgg	gcc	cag	837
Asn	Leu	Phe	Arg	Arg	Leu	Glu	Glu	Phe	Pro	Ala	Phe	Pro	Arg	Ala	Gln	
		70					75					80				
gtg	ttt	ggc	cgg	ttt	gaa	gcc	tca	gtg	atc	gag	gag	cgg	cga	aag	ggg	885
Val	Phe	Gly	Arg	Phe	Glu	Ala	Ser	Val	Ile	Glu	Glu	Arg	Arg	Lys	Gly	
	85					90				95						
gca	gag	gac	ctg	ctt	cgc	ttc	act	gtg	cac	ata	cct	gcg	ctc	aac	aac	933
Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Arg	Phe	Thr	Val	His	Ile	Pro	Ala	Leu	Asn	Asn	
100					105					110					115	
agc	ccc	cag	ctc	aag	gag	ttc	ttc	cgg	ggt	ggg	gag	gtg	acc	cga	ccc	981
Ser	Pro	Gln	Leu	Lys	Glu	Phe	Phe	Arg	Gly	Gly	Glu	Val	Thr	Arg	Pro	
				120					125					130		
ttg	gag	gtg	tcc	agg	gac	cta	cac	atc	ctg	cca	ccc	cct	ctg	atc	ccc	1029
Leu	Glu	Val	Ser	Arg	Asp	Leu	His	Ile	Leu	Pro	Pro	Pro	Leu	Ile	Pro	
			135					140					145			
acc	ccg	ccc	cct	gat	gac	ccc	cgg	cta	tcc	caa	ctg	ctc	cct	gca	gaa	1077
Thr	Pro	Pro	Pro	Asp	Asp	Pro	Arg	Leu	Ser	Gln	Leu	Leu	Pro	Ala	Glu	
		150					155					160				
agg	agg	ggc	ctc	gag	gaa	ttg	gag	gtg	cca	gtg	gac	ccc	cca	cca	tcc	1125
Arg	Arg	Gly	Leu	Glu	Glu	Leu	Glu	Val	Pro	Val	Asp	Pro	Pro	Pro	Ser	
	165					170					175					
agc	cct	gcc	cag	gag	gcc	ctg	gat	ctc	ctc	ttt	aac	tgt	gag	agc	acc	1173
Ser	Pro	Ala	Gln	Glu	Ala	Leu	Asp	Leu	Leu	Phe	Asn	Cys	Glu	Ser	Thr	
180					185					190					195	
gag	gag	gca	tct	ggt	tcc	cct	gcc	cga	ggc	ccc	ctc	acc	gag	gct	gag	1221
Glu	Glu	Ala	Ser	Gly	Ser	Pro	Ala	Arg	Gly	Pro	Leu	Thr	Glu	Ala	Glu	
				200					205				210			
ctt	gcc	ctc	ttc	gac	ccc	ttc	tcc	aag	ggt	gac	ccg	ttg	cct	gcc	cgc	1269
Leu	Ala	Leu	Phe	Asp	Pro	Phe	Ser	Lys	Gly	Asp	Pro	Leu	Pro	Ala	Arg	

215

220

225

c a g g a a g g t g t g a a g a a g a a g g c a g c t g a g t a c c t g a a g c g g g c a g a g 1317
 Gln Glu Gly Val Lys Lys Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Lys Arg Ala Glu
 230 235 240

g a g a t c c t g c g c c t g c a c c t g t c t c a a c t c c c a c c c t a a c a g g g a g t g g 1366
 Glu Ile Leu Arg Leu His Leu Ser Gln Leu Pro Pro
 245 250 255

g c c a t t c c c t g g g a c t c t c a c t c c t g c a c t g c c a g c c c c t t c t c c t c t c c c c a g g g c c t g 1426

g c c c t a c c t c c t g g t c t t g t a a t t a c a g g a g c c a t t t c t g t a g g t a a c t g g a c c a a g a a t 1486

g a g a a a a t a a t g a a t t c t t a g c t c c c t g a t t a c a c c t g c c a c c t t g g a a t c c a g g a c t c 1546

a c a c t t c t g a c c c t g c c t g t c t t t t t g g g g t t t t t t t g a g t t g g a g t c t c g c t g t g t c g c 1606

c c a g a c t g g a g t g c a g t g g t g g g a t c g c g g c t c a c t g c a a c c t c c a c c t c c c a g g t t c a a 1666

g c a g t t c t c c t g t c t c a g c c t c c c c a g t a g c t g a g a t t g c a g g c a c a t g c c a c c a c g c c c 1726

a g c t a a t a t t t t g t a t t t t c a g t a g g g a c g g g g t t a c a c c a t g t t g g c c a g g c t g g t c t c 1786

g a a c t c c t g a c c t c a a g t g a t c c a c c c g c c t c a g t c t c c c a a a g t g c t g a g a t t a c a g g c 1846

a t g a g t c a c t a c g c c c g g c c c a t g t c t g t c t g t c t t g a t g t g t g a g c a g c t g t g g t c 1906

a t t a a a c c a t t a g t t t t a c c c c t c t a g a a c t g g g g t c t g c a a a c t c c c a c c t g c a g c c a a a 1966

t c t g g c c c a c c t c c t t t t t a a t g t a a g g g c t g t g a g a g t g g t t t t t a c t t t t t t a a t g a 2026

t t a a a a a a t c a a a a t a a t t t c t g t g a c a t g a c a g g t g a a a t t t a t a t g t g a c a a g t g 2086

a a a a t t a t a t g a a a t t t a a g a g t c c a t a a a t a a a a t t t g t t g g a a c a c a a a a a a a a a a 2146

a a a a a a a 2153

<210> 75

<211> 255

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 75

Met Ser Arg Gln Ala Lys Asp Asp Phe Leu Arg His Tyr Thr Val Ser
 1 5 10 15

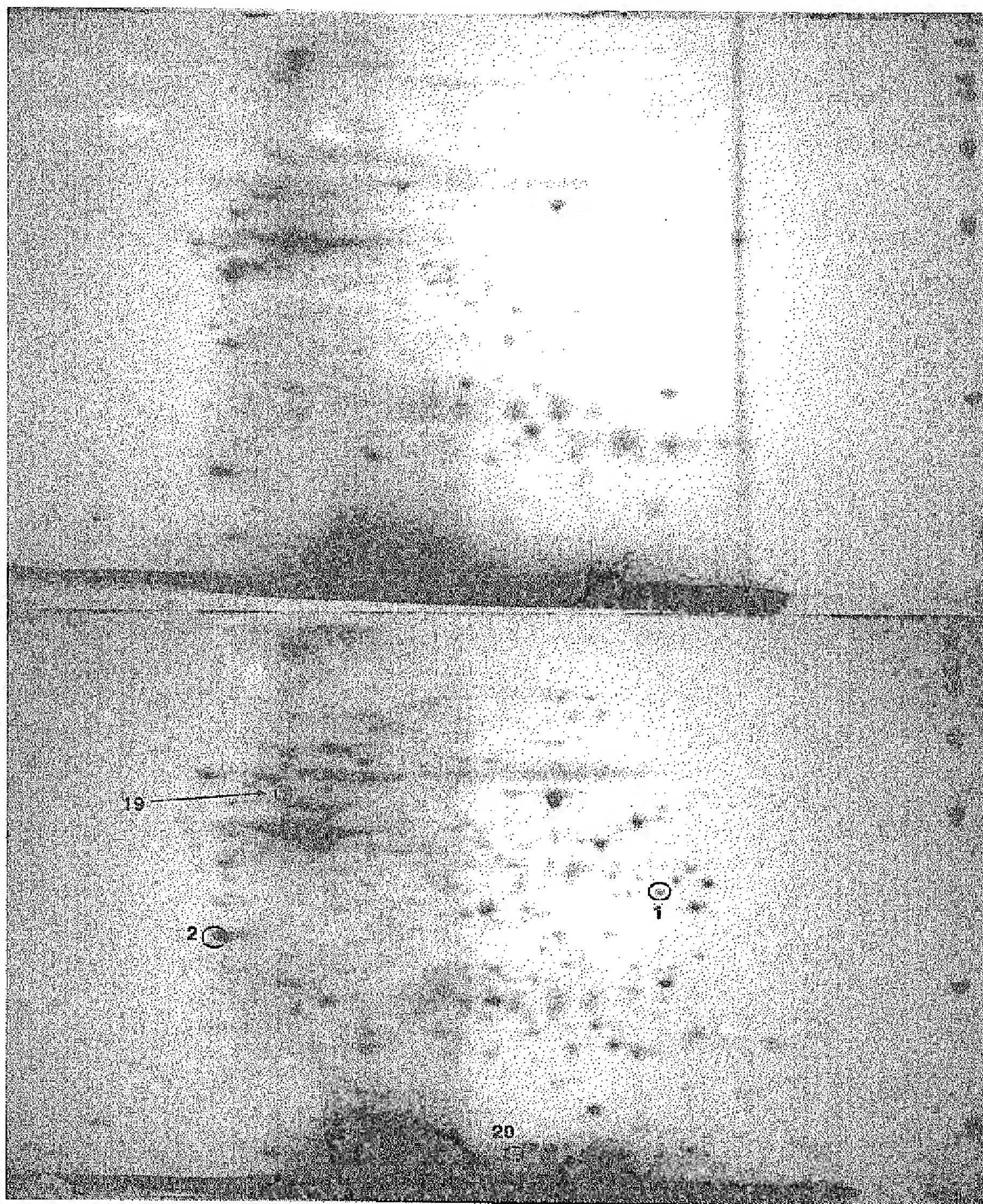
Asp	Pro	Arg	Thr	His	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Glu	Tyr	Lys	Val	Thr	Ala	
			20					25					30			
Gln	Phe	Ile	Ser	Lys	Lys	Asp	Pro	Glu	Asp	Val	Lys	Glu	Val	Val	Val	
		35					40					45				
Trp	Lys	Arg	Tyr	Ser	Asp	Phe	Arg	Lys	Leu	His	Gly	Asp	Leu	Ala	Tyr	
	50					55					60					
Thr	His	Arg	Asn	Leu	Phe	Arg	Arg	Leu	Glu	Glu	Phe	Pro	Ala	Phe	Pro	
65					70					75					80	
Arg	Ala	Gln	Val	Phe	Gly	Arg	Phe	Glu	Ala	Ser	Val	Ile	Glu	Glu	Arg	
				85				90						95		
Arg	Lys	Gly	Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Arg	Phe	Thr	Val	His	Ile	Pro	Ala	
			100					105					110			
Leu	Asn	Asn	Ser	Pro	Gln	Leu	Lys	Glu	Phe	Phe	Arg	Gly	Gly	Glu	Val	
		115					120					125				
Thr	Arg	Pro	Leu	Glu	Val	Ser	Arg	Asp	Leu	His	Ile	Leu	Pro	Pro	Pro	
	130					135					140					
Leu	Ile	Pro	Thr	Pro	Pro	Pro	Asp	Asp	Pro	Arg	Leu	Ser	Gln	Leu	Leu	
145					150					155					160	
Pro	Ala	Glu	Arg	Arg	Gly	Leu	Glu	Glu	Leu	Glu	Val	Pro	Val	Asp	Pro	
				165				170						175		
Pro	Pro	Ser	Ser	Pro	Ala	Gln	Glu	Ala	Leu	Asp	Leu	Leu	Phe	Asn	Cys	
			180					185					190			
Glu	Ser	Thr	Glu	Glu	Ala	Ser	Gly	Ser	Pro	Ala	Arg	Gly	Pro	Leu	Thr	
		195					200					205				
Glu	Ala	Glu	Leu	Ala	Leu	Phe	Asp	Pro	Phe	Ser	Lys	Gly	Asp	Pro	Leu	
	210					215					220					

Pro Ala Arg Gln Glu Gly Val Lys Lys Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Lys
225 230 235 240

Arg Ala Glu Glu Ile Leu Arg Leu His Leu Ser Gln Leu Pro Pro
245 250 255

Normal

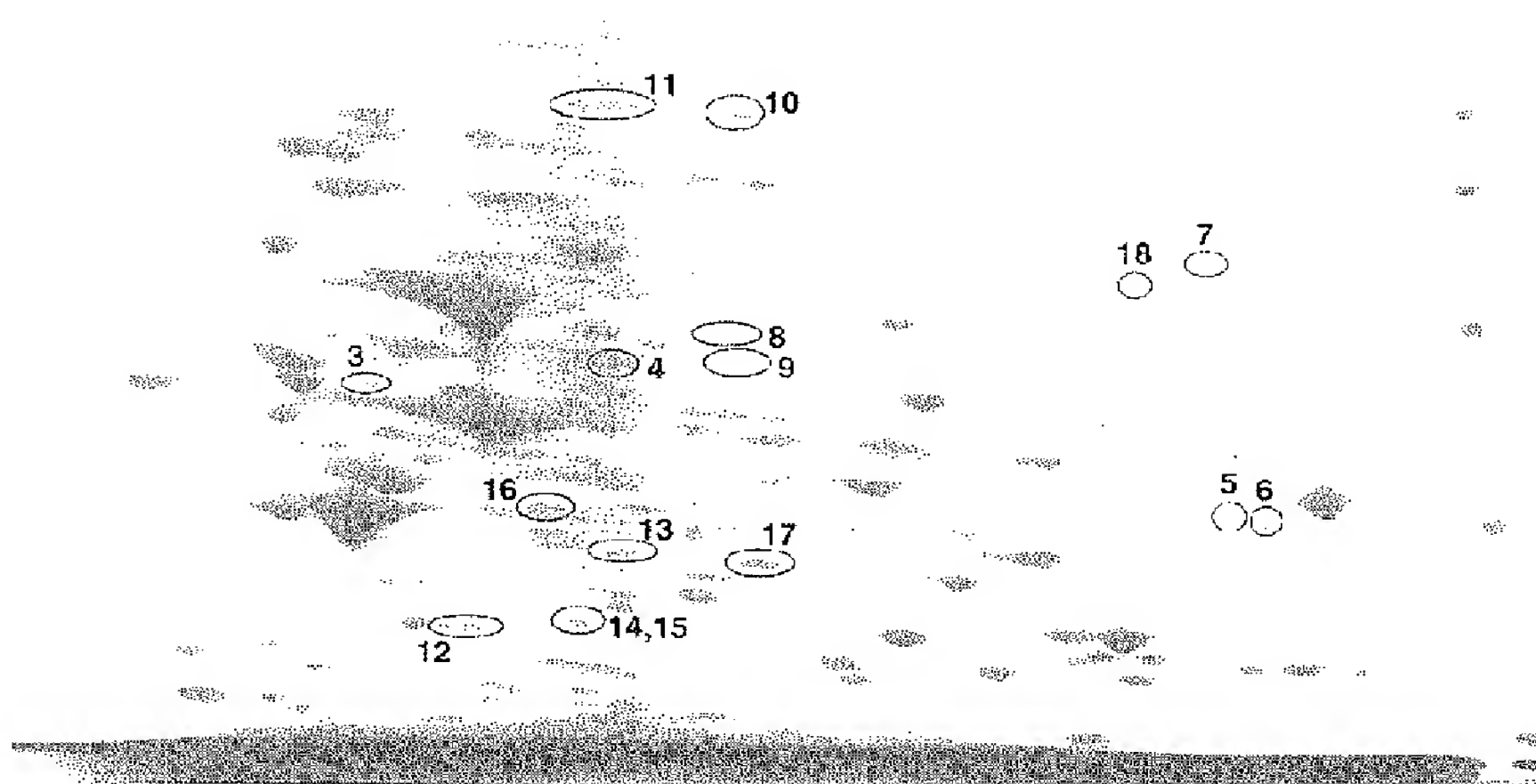
Tumor



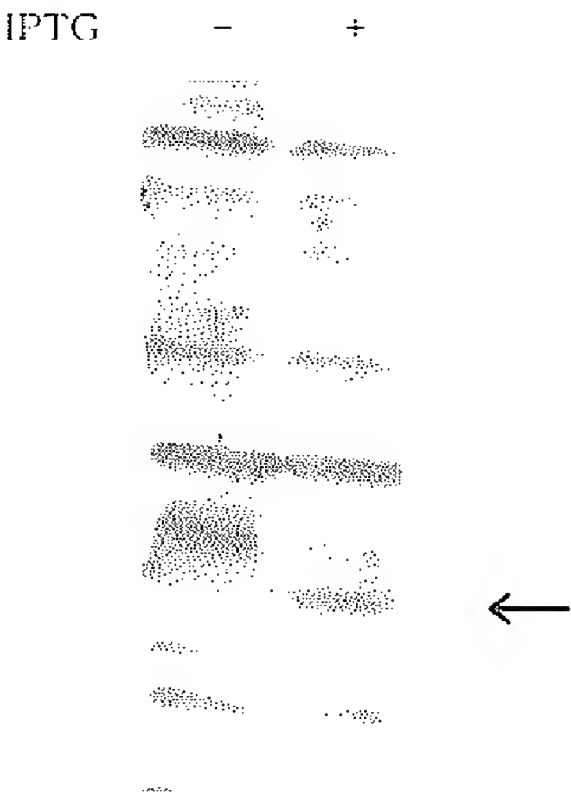
Normal



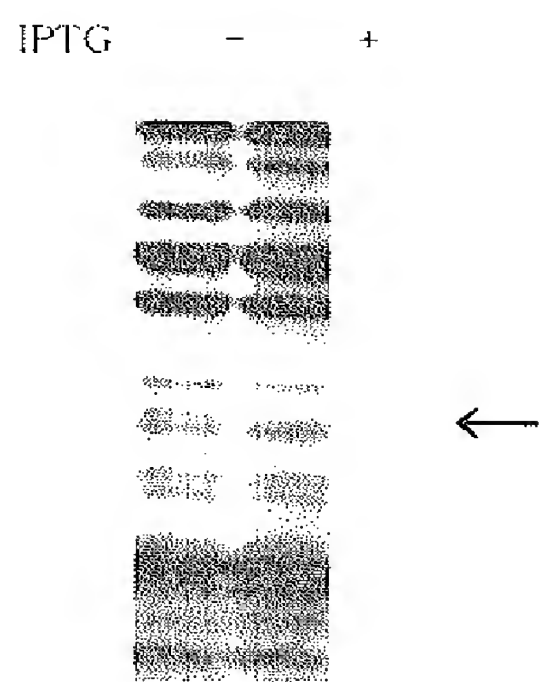
Tumor



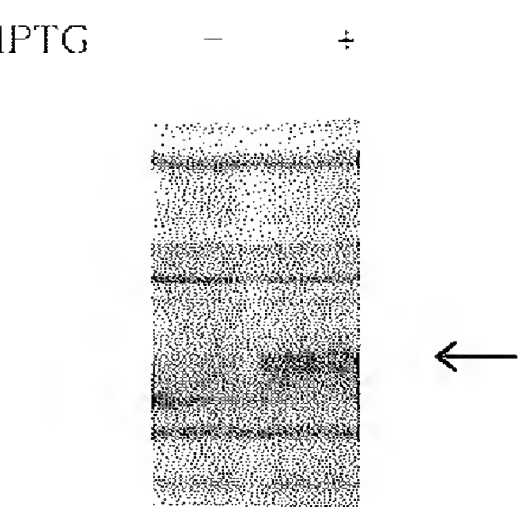
【 図 2 】



【 図 3 】

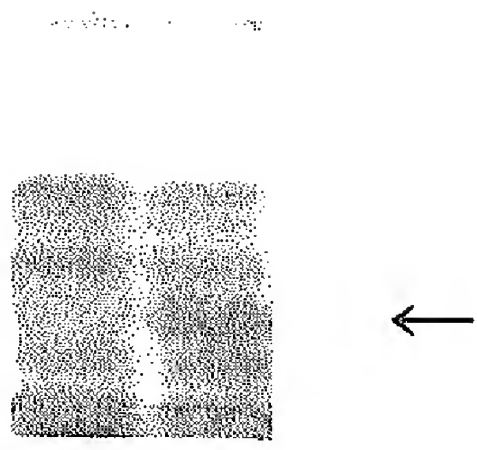


【 図 4 】

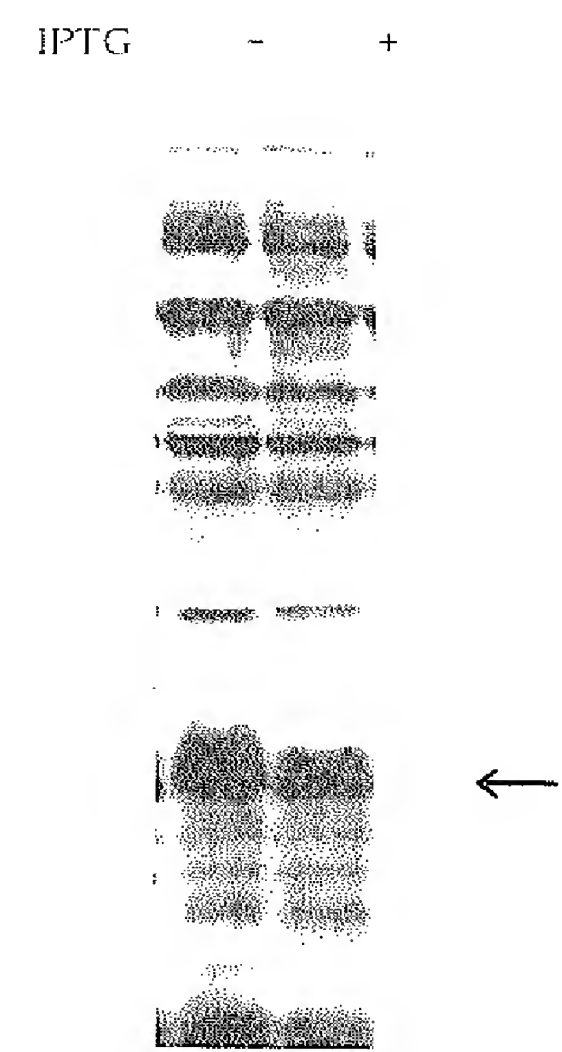


【 図 5 】

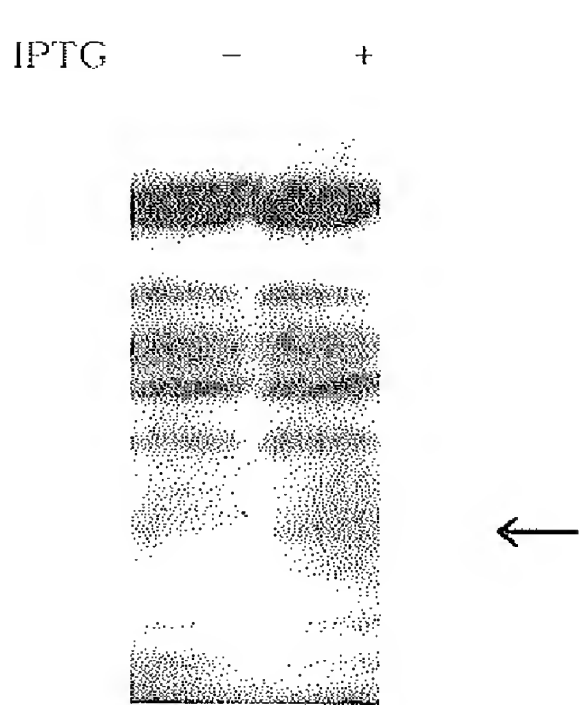
IPTG - +



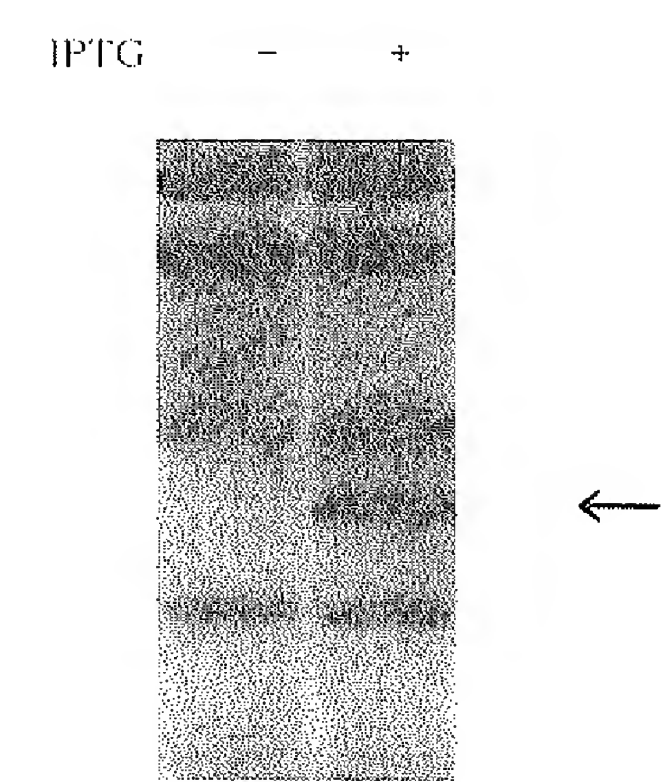
【 図 7 】



【 図 8 】

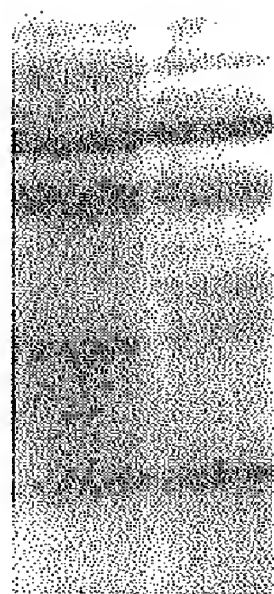


【 図 9 】



【 図 1 0 】

IPTG - +

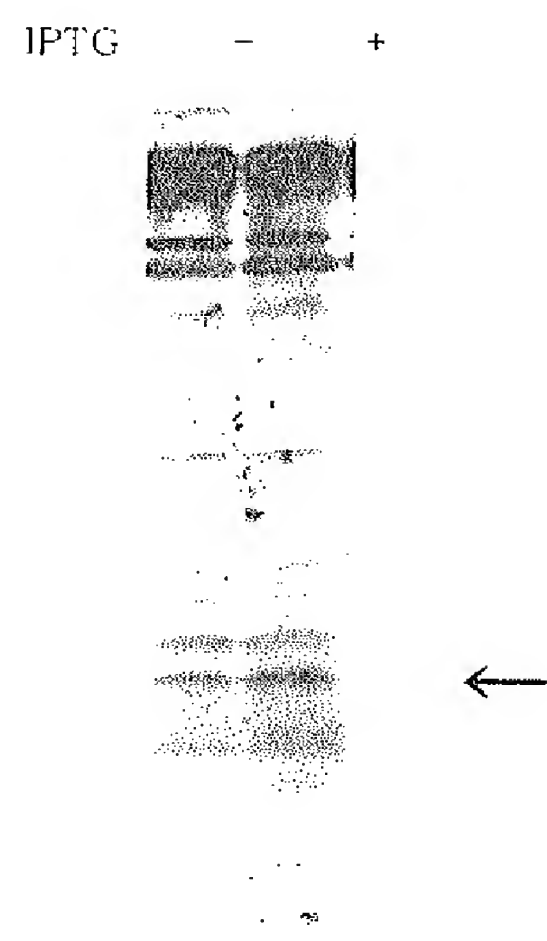


【 図 1 1 】

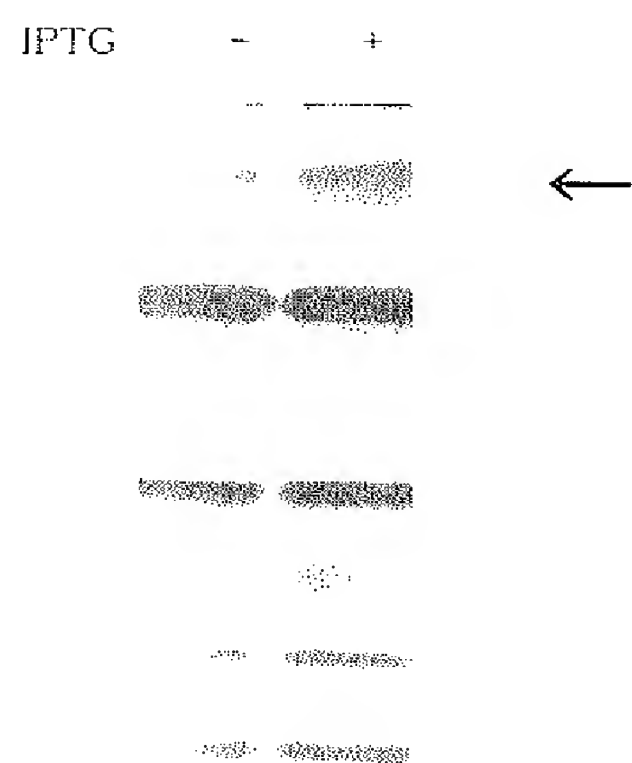
IPTG - +



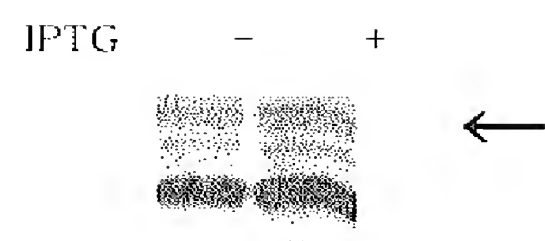
【 1 2 】



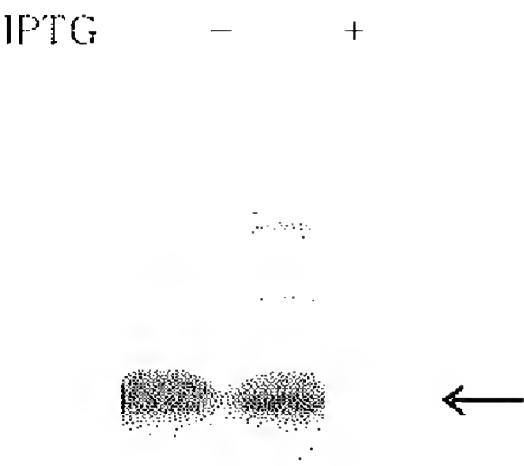
【 1 3 】



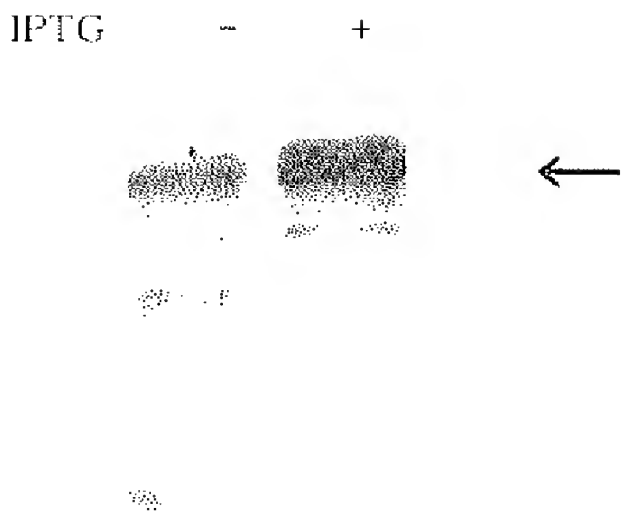
【 1 4 】



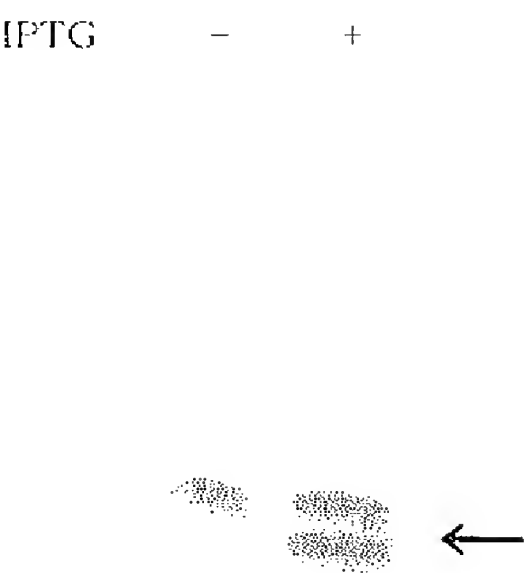
【 図 1 5 】



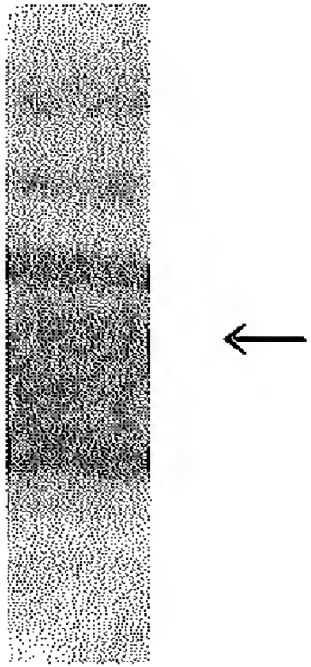
【 図 1 6 】



【 図 1 7 】

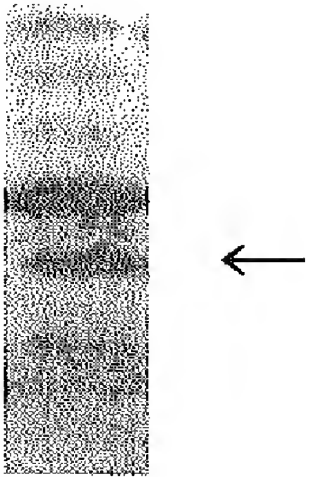


【 図 1 8 】



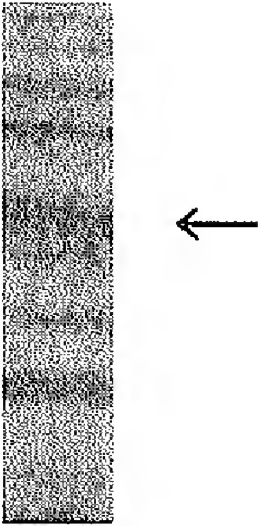
【 図 1 9 】

+



【 図 2 0 】

+



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 新規な固形癌抗原タンパク質、並びに該抗原タンパク質に基づく固形癌診断キット及び固形癌治療剤の提供。

【解決手段】 配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固形癌抗原ポリペプチド。

【選択図】 なし

【書類名】	出願人名義変更届
【整理番号】	P04-0027
【提出日】	平成17年 3月16日
【あて先】	特許庁長官 殿
【事件の表示】	
【出願番号】	特願2004- 95732
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県市川市若宮1－13－6
【氏名又は名称】	島田 英昭
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区春日2－5－10 西千葉ヒルズ春日405号
【氏名又は名称】	朝長 毅
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区星久喜町1063－28
【氏名又は名称】	日和佐 隆樹
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区矢作町540－36
【氏名又は名称】	松下 一之
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区汐見が丘7－15
【氏名又は名称】	落合 武徳
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市若葉区都賀の台1－20－11
【氏名又は名称】	野村 文夫
【承継人代理人】	
【識別番号】	100091096
【弁理士】	
【氏名又は名称】	平木 祐輔
【選任した代理人】	
【識別番号】	100096183
【弁理士】	
【氏名又は名称】	石井 貞次
【選任した代理人】	
【識別番号】	100118773
【弁理士】	
【氏名又は名称】	藤田 節
【選任した代理人】	
【識別番号】	100120905
【弁理士】	
【氏名又は名称】	深見 伸子
【手数料の表示】	
【予納台帳番号】	015244
【納付金額】	4,200円

出願人履歴

5 0 3 3 6 0 1 1 5
20031001
新規登録

埼玉県川口市本町4丁目1番8号
独立行政法人 科学技術振興機構
5 0 3 3 6 0 1 1 5
20040401
名称変更

埼玉県川口市本町4丁目1番8号
独立行政法人科学技術振興機構